

This Page Is Inserted by IFW Operations
and is not a part of the Official Record

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images may include (but are not limited to):

- BLACK BORDERS
- TEXT CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES
- FADED TEXT
- ILLEGIBLE TEXT
- SKEWED/SLANTED IMAGES
- COLORED PHOTOS
- BLACK OR VERY BLACK AND WHITE DARK PHOTOS
- GRAY SCALE DOCUMENTS

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

**As rescanning documents *will not* correct images,
please do not report the images to the
Image Problem Mailbox.**

(19) 日本国特許庁 (J P)

(12) 公開特許公報 (A)

(11) 特許出願公開番号

特開2000-201688

(P2000-201688A)

(43) 公開日 平成12年7月25日 (2000.7.25)

(51) Int.Cl. ⁷	識別記号	F I	テマコード [*] (参考)
C 1 2 N 15/09	Z N A	C 1 2 N 15/00	Z N A A 4 B 0 2 4
C 0 7 K 14/72		C 0 7 K 14/72	4 B 0 6 3
C 1 2 N 5/10		C 1 2 P 21/02	C 4 B 0 6 4
C 1 2 P 21/02		C 1 2 Q 1/02	4 B 0 6 5
C 1 2 Q 1/02		C 1 2 N 5/00	B 4 H 0 4 5

審査請求 未請求 請求項の数12 O L (全 23 頁) 最終頁に続く

(21) 出願番号 特願平11-98787

(22) 出願日 平成11年4月6日 (1999.4.6)

(31) 優先権主張番号 特願平10-319465

(32) 優先日 平成10年11月10日 (1998.11.10)

(33) 優先権主張国 日本 (J P)

(71) 出願人 000002093

住友化学工業株式会社

大阪府大阪市中央区北浜4丁目5番33号

(72) 発明者 大下 博文

兵庫県宝塚市高司4丁目2番1号 住化テ

クノサービス株式会社内

(72) 発明者 徐 明旭

兵庫県宝塚市高司4丁目2番1号 住化テ

クノサービス株式会社内

(74) 代理人 100093285

弁理士 久保山 隆 (外1名)

最終頁に続く

(54) 【発明の名称】 エストロジェンレセプター遺伝子およびその利用

(57) 【要約】

【課題】 化学物質のエストロジェン様作用を測定するための方法として、化学物質のエストロジェンレセプター活性化能を評価するための試験系を提供可能とすること。

【解決手段】 配列番号1で示されるアミノ酸配列を有する蛋白質をコードするエストロジェンレセプター遺伝子等。

【特許請求の範囲】

【請求項1】配列番号1で示されるアミノ酸配列を有する蛋白質をコードするエストロジェンレセプター遺伝子。

【請求項2】配列番号3で示されるアミノ酸配列からなる蛋白質をコードするエストロジェンレセプター遺伝子。

【請求項3】配列番号2で示される塩基配列を有するエストロジェンレセプター遺伝子。

【請求項4】配列番号4で示される塩基配列からなるエストロジェンレセプター遺伝子。

【請求項5】請求項1～4記載のエストロジェンレセプター遺伝子を含有するベクター。

【請求項6】エストロジェンレセプター遺伝子に宿主細胞で機能可能なプロモーターが機能可能な形で結合されてなる請求項5記載のベクター。

【請求項7】請求項1～4記載のエストロジェンレセプター遺伝子が宿主細胞に導入されてなる形質転換体。

【請求項8】請求項5または6記載のベクターが宿主細胞に導入されてなる形質転換体。

【請求項9】宿主細胞が動物細胞である請求項7または8記載の形質転換体。

【請求項10】請求項7～9記載の形質転換体を培養してエストロジェンレセプターを産生させ、これを回収することを特徴とするエストロジェンレセプターの製造方法。

【請求項11】配列番号1で示されるアミノ酸配列を有するエストロジェンレセプター。

【請求項12】化学物質のエストロジェンレセプター活性化能を評価するためのレポーターアッセイにおいて、エストロジェン応答配列を含む転写制御領域の下流に連結されたレポーター遺伝子と請求項1～4記載のエストロジェンレセプター遺伝子とがエストロジェンレセプター非内在性宿主細胞に導入されてなる形質転換体に、化学物質を作用させることを特徴とする化学物質のエストロジェンレセプター活性化能の評価方法。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】本発明は、エストロジェンレセプター遺伝子およびその利用に関する。

【0002】

【従来の技術および発明が解決しようとする課題】近年、環境中の幾つかの化学物質がエストロジェン様作用を示すことが報告されている。かかる化学物質の作用はヒトのホルモンバランスを崩し、疾患の原因となることが危惧されることから、化学物質の安全性評価の一環として化学物質のエストロジェン様作用を測定する試みがなされている。エストロジェンの作用機序として、エストロジェンがエストロジェンの標的細胞に存在するエストロジェンレセプターに結合すると、該レセプターは活

性化され、染色体上のエストロジェン応答配列に結合して該配列の下流に在する遺伝子の発現を促進する。そこで、化学物質のエストロジェン様作用を測定するための方法として、化学物質のエストロジェンレセプター活性化能を評価するための試験系の開発が切望されている。

【0003】

【課題を解決するための手段】本発明者らは、かかる状況の下、鋭意検討した結果、水生動物のモデル動物であるメダカのエストロジェンレセプターをコードする遺伝子を見出し、本発明に至った。即ち、本発明は、配列番号1で示されるアミノ酸配列を有する蛋白質をコードするエストロジェンレセプター遺伝子（以下、本発明遺伝子と記す。）、配列番号3で示されるアミノ酸配列からなる蛋白質をコードする該遺伝子、配列番号2で示される塩基配列を有する該遺伝子、配列番号4で示される塩基配列からなる該遺伝子、該遺伝子を含有するベクター（以下、本発明ベクターと記す。）、該遺伝子が宿主細胞に導入されてなる形質転換体（以下、本発明形質転換体と記す。）、該形質転換体を培養してエストロジェンレセプターを産生させ、これを回収することを特徴とするエストロジェンレセプターの製造方法、配列番号1で示されるアミノ酸配列を有するエストロジェンレセプター、化学物質のエストロジェンレセプター活性化能を評価するためのレポーターアッセイにおいて、エストロジェン応答配列を含む転写制御領域の下流に連結されたレポーター遺伝子と本発明遺伝子とがエストロジェンレセプター非内在性宿主細胞に導入されてなる形質転換体に、化学物質を作用させることを特徴とする化学物質のエストロジェンレセプター活性化能の評価方法、を提供するものである。

【0004】

【発明の実施の形態】以下、本発明について詳細に説明する。本発明遺伝子は、例えば、ヒメダカ等のメダカから、J.Sambrook, E.F.Frisch, T.Maniatis著；モレキュラークローニング第2版（Molecular Cloning 2nd edition）、コールドスプリングハーバーラボラトリー（Cold Spring Harbor Laboratory）発行、1989年等に記載の遺伝子工学的的方法に準じて取得することができる。具体的には、まず、ヒメダカ等のメダカからRNAを調製する。例えば、ヒメダカの内臓を塩酸グアニジンやグアニジンチオシアネート等の強力な蛋白質変性剤を含む溶液中で粉砕し、さらに該粉砕物にフェノール、クロロホルム等を加えることにより蛋白質を変性させる。変性蛋白質を遠心分離等により除去した後、回収された可溶性画分から、塩酸グアニジン／フェノール法、SDS-フェノール法、グアニジンチオシアネート／CsCl法等の方法により全RNAを抽出する。なお、これらの方法に基づいた市販のRNA調製用キットとしては、例えばISOGEN（ニッポンジーン製）がある。得られた全RNAを鋳型として使用し、該RNAにオリゴdTプラ

イマーをアニールさせた後に逆転写酵素を作用させることにより一本鎖cDNAを合成し、次いで、該一本鎖cDNAに大腸菌RNase Hおよび大腸菌のDNAポリメラーゼIを作用させて二本鎖のcDNAを合成する。更に該cDNAの両末端をT4 DNAポリメラーゼにより平滑化する。得られたcDNAはフェノール-クロロホルム抽出、エタノール沈殿等の通常の方法により精製し、回収する。なお、これらの方法に基づいた市販のcDNA合成用キットとしては、例えばcDNA合成システムプラス（アマシャム社製）がある。このようにして得られたcDNAを例えば、プラスミドpUC118やファージgt11などのベクターにリガーゼを用いて挿入することによりcDNAライブラリーを作製する。次に、このようなcDNAライブラリーから、例えば、配列番号2で示される塩基配列の部分塩基配列を有するDNA断片をプローブとして用いるハイブリダイゼーション法や、配列番号2で示される塩基配列の部分塩基配列を有するオリゴヌクレオチドをプライマーとして用いるPCR法により、本発明遺伝子を取得することができる。また、上記のようにして調製された全RNAを鋳型に使用して逆転写反応を行なった後、得られたDNAを鋳型にしてPCRを行なうことにより（RT-PCR法）本発明遺伝子を取得することもできる。上記のPCR法またはRT-PCR法においてPCRにより本発明遺伝子を増幅する際に用いるプライマーとしては、例えば、20bpから40bp程度の長さでかつGまたはC塩基の割合が40%から70%程度の塩基配列を、配列番号2で示される塩基配列の5'末端領域および3'末端領域からそれぞれ選択し、該塩基配列を有するオリゴヌクレオチドを合成するとよい。具体的には、例えば、フォワードプライマーの塩基配列としては5'-ATG TAC CCT GAA GAG AGC CGG G-3'や5'-AAG CTTCAT GAG TAA GAG ACA GAG C-3'があげられ、リバースプライマーの塩基配列としては5'-TCA GTC TTG AAG GGC CGG GGA G-3'があげられる。このようにしてPCRで増幅された本発明遺伝子は、例えば、J. Sambrook, E. F. Fritsch, T. Maniatis著；モレキュラー クローニング 第2版（Molecular Cloning 2nd edition）、コールドスプリング ハーバー ラボラトリー（Cold Spring Harbor Laboratory）発行、1989年等に記載の遺伝子工学的的方法に準じてベクターにクローニングすることができる。具体的には例えば、TAクローニングキット（Invitrogen社）やpBluescriptII（Stratagene社）などの市販のプラスミドベクターを用いてクローニングすることができる。尚、本発明遺伝子は、配列番号2や配列番号4で示される塩基配列に基づいて、例えばホスファイト・トリエステル法（Hunkapiller, M. et al., Nature, 310, 105, 1984）等の通常の方法に準じて、核酸の化学合成を行うことにより調製することもできる。得られた本発明遺伝子の塩基配列は、Maxam Gilbert法（例えば、Maxam, A. M. & W. Gilbert, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 74, 5

60, 1977 等に記載される）やSanger法（例えばSanger, F. & A. R. Coulson, J. Mol. Biol., 94, 441, 1975, Sanger, F. & Nicklen and A. R. Coulson., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 74, 5463, 1977等に記載される）に準じて解析することにより確認することができる。

【0005】このようにして取得される本発明遺伝子を、例えば、宿主細胞内で複製可能なDNAであって、宿主細胞からの単離、精製が可能であり、検出可能なマーカー遺伝子をもつベクターに、通常の遺伝子工学的手法を用いて組込むことにより本発明ベクターを構築することができる。本発明ベクターの構築に用いることができるベクターとしては、具体的には、微生物である大腸菌を宿主細胞とする場合、例えば、プラスミドpUC119（宝酒造（株）製）や、ファージミドpBluescriptII（ストラタジーン社製）等をあげることができ、酵母を宿主細胞とする場合は、プラスミドpACT2（Clontech社製）などをあげることができる。また、哺乳類動物細胞を宿主細胞とする場合は、pRC/RSV、pRC/CMV（Invitrogen社製）等のプラスミド、ウシバビローマウイルスプラスミドpBPV（ファルマシア社製）、EBウイルスプラスミドpCEP4（Invitrogen社製）等のウイルス由来の自律複製起点を含むベクター、ワクシニアウイルス等のウイルスなどをあげることができ、昆虫類動物細胞（以下、昆虫細胞と記す。）を宿主細胞とする場合は、バキュロウイルス等の昆虫ウイルスをあげることができる。バキュロウイルスやワクシニアウイルス等のウイルスに本発明遺伝子を組込むには、使用しようとするウイルスのゲノムと相同な塩基配列を含有するトランスファーベクターを用いる。このようなトランスファーベクターの具体的例としては、Pharmingen社から市販されているpVL1392, pVL1393（Smith, G. E., Summers M. D. et al.: Mol. Cell. Biol., 3:2156-2165, 1983）、pSF5（Funahashi, S. et al.: J. Virol., 65:5584-5588, 1991）などのプラスミドをあげることができる。本発明遺伝子を前記のようなトランスファーベクターに挿入し、該トランスファーベクターとウイルスゲノムとを同時に宿主細胞に導入すると、トランスファーベクターとウイルスゲノムとの間で相同組換えが起こり、本発明遺伝子がゲノム上に組み込まれたウイルスを得ることができる。ウイルスゲノムとしては、Baculovirus, Adenovirus, Vacciniavirusなどのゲノムを用いることができる。本発明遺伝子の上方に、宿主細胞で機能可能なプロモーターを機能可能な形で結合させ、これを上述のようなベクターに組み込むことにより、本発明遺伝子を宿主細胞で発現させることの可能な本発明ベクター（以下、本発明発現ベクターと記す。）を構築することができる。ここで、「機能可能な形で結合させる」とは、本発明遺伝子が導入される宿主細胞においてプロモーターの制御下に発現するように、該プロモーターと本発明遺伝子とを結合させることを意味する。使用するプロモーターは、形質転換する宿主細胞内でプロモータ

一活性を示すものであれば特に制限はなく、例えば、宿主細胞が動物細胞や分裂酵母である場合は、例えば、ラウス肉腫ウイルス(RSV)プロモーター、サイトメガロウイルス(CMV)プロモーター、シミアンウイルス(SV40)の初期もしくは後期プロモーター、マウス乳頭腫ウイルス(MMTV)プロモーター、単純ヘルペスウイルス(HSV)のチミジンキナーゼ(tk)遺伝子プロモーター等をあげることができる。宿主細胞が出芽酵母である場合はADHIプロモーターなどをあげることができる。また、宿主細胞において機能するプロモーターをあらかじめ保有するベクターを使用する場合は、ベクター保有のプロモーターと本発明遺伝子とが機能可能な形で結合するように、該プロモーターの下流に本発明遺伝子を挿入すればよい。例えば、前述のプラスミドpRC/RSV, pRC/CMV等は、動物細胞で機能可能なプロモーターの下流にクロニング部位が設けられており、該クロニング部位に本発明遺伝子を挿入し動物細胞へ導入すれば、本発明遺伝子が発現する。これらのプラスミドにはあらかじめSV40の自律複製起点(ori)が組み込まれているため、ori(-)のSV40ゲノムで形質転換された培養細胞、例えばCOS細胞等に該プラスミドを導入すると、細胞内でプラスミドのコピー数が非常に増大し、結果として該プラスミドに組み込まれた本発明遺伝子を大量発現させることもできる。また、前述の酵母用プラスミドpACT2はADHIプロモーターを有しており、該プラスミドまたはその誘導体のADHIプロモーターの下流に本発明遺伝子を挿入すれば、本発明遺伝子を例えばCG1945(Clontech社製)等の出芽酵母内で大量発現させることが可能な本発明ベクターが構築できる。

【0006】上述のようにして構築された本発明ベクターを宿主細胞に導入することにより、本発明形質転換体を取得することができる。本発明ベクターを宿主細胞へ導入する方法は、形質転換される宿主細胞に応じて通常用いられる方法でよい。例えば、大腸菌を宿主細胞とする場合は、「モレキュラー・クロニング」(J.Sambrookら、コールド・スプリング・ハーバー、1989年)等に記載される塩化カルシウム法やエレクトロポレーション法等を用いることができ、酵母菌を宿主細胞とする場合は、例えばリチウム法に基づくYeast transformation kit(Clontech社製)などを用いてベクターを導入することができる。また、哺乳類動物細胞や昆虫細胞等の動物細胞を宿主細胞とする場合は、例えば、リン酸カルシウム法、DEAEデキストラン法、エレクトロポレーション法、またはリポフェクション法等により該宿主細胞に本発明ベクターを導入することができる。尚、ウイルスをベクターに用いる場合は、上述のような一般的な遺伝子導入法によりウイルスゲノムを宿主細胞に導入できるほか、ウイルスゲノムを含有するウイルス粒子を宿主細胞へ感染させることによってウイルスゲノムを宿主細胞に導入することができる。

【0007】本発明形質転換体の選抜は、導入された本発明ベクターが有する検出マーカー遺伝子の性質に応じた方法を用いればよい。例えば、検出マーカー遺伝子が、細胞致死活性を示す薬剤に対する耐性遺伝子である場合には、該薬剤を添加した培地を用いて、本発明ベクターを導入した細胞を培養すればよい。このようにして用いることのできる薬剤耐性遺伝子と選抜薬剤との組み合わせとしては、例えば、ネオマイシン耐性遺伝子とネオマイシンとの組合せ、ハイグロマイシン耐性遺伝子とハイグロマイシンとの組み合わせ、ブラストサイジンS耐性遺伝子とブラストサイジンSとの組合せ等をあげることができる。また、検出マーカー遺伝子が、宿主細胞の栄養要求性を相補する遺伝子である場合には、該栄養素を含まない最少培地を用いて、本発明ベクターを導入した細胞を培養すればよい。さらに、本発明発現ベクターを導入した場合は、エストロジェン結合活性に基づく検出方法を用いることもできる。本発明遺伝子が宿主細胞の染色体に導入されてなる本発明形質転換体を取得するには、例えば、本発明ベクターを制限酵素等で消化することにより直鎖上にした後、これを前述の方法で宿主細胞へ導入して該細胞を通常数週間培養し、導入された本発明ベクターにコードされる検出マーカーを指標にして目的とする形質転換体を選抜すればよい。例えば、上記のような選択薬剤に対する耐性遺伝子を検出マーカー遺伝子として持つ本発明ベクターを前述の方法で宿主細胞に導入し、選択薬剤を添加した培地で数週間以上該細胞を継代培養して、コロニー状に生き残った選択薬剤耐性クローンをピペットで吸い上げ純化することにより、本発明遺伝子が宿主細胞の染色体に導入されてなる本発明形質転換体を取得することができる。該形質転換体は、凍結保存が可能であり必要に応じて起眠して使用することのできるため、一過性の遺伝子導入株と比較して、形質転換体作製の手間を省くことができ、形質転換体の性能を一定に保つこともできる。

【0008】上述のようにして得られた本発明形質転換体を培養することにより本発明のエストロジェンレセプターを産生させることができる。例えば、本発明形質転換体が微生物である場合、該形質転換体は、一般微生物における通常の培養に使用される炭素源や窒素源、有機ないし無機塩等を適宜含む各種の培地を用いて培養すればよい。培養は、一般微生物における通常の方法に準じて行い、固体培養、液体培養(試験管振とう式培養、往復式振とう培養、ジャーファーメンター(Jar Fermenter)培養、タンク培養等)等が可能である。培養温度は、微生物が生育する範囲で適宜変更でき、例えば、約15℃~約40℃の培養温度、約6~約8の培地pHで培養するとよい。培養時間は、種々の培養条件によって異なるが、通常約1~約5日間である。また、上記形質転換体が動物細胞である場合、一般の培養細胞における通常の培養に使用される培地を用いて培養すればよい。選

採薬剤を利用して当該形質転換体を選抜した場合は、対応する選択薬剤を共存させて培養するのが望ましい。哺乳類動物細胞の場合、例えば10v/v%となるようFBSを添加したDMEM培地等の培地を用いて、37℃、5v/v%CO₂存在下等にて、培地を数日ごとに交換しながら培養する。細胞がコンフルエントになるまで増殖したら、0.25w/v%程度のトリプシンPBS溶液を用いて個々の細胞に分散させ、数倍に希釈して新しい培養容器に播種し培養を続ける。目的とする量まで細胞が増殖したら細胞を集める。昆虫細胞の場合も同様に、10v/v%FBSおよび2w/v%Yeastlateを含むGrace's medium等の昆虫細胞用培地を用いて25℃から35℃で継代培養する。ただし、Sf21細胞などの培養容器からはがれやすい細胞の場合は、トリプシン液ではなくピペッティングにより細胞を分散させ継代を行なう。また、Baculovirus等のウイルスベクターを含む形質転換体の場合は、細胞質効果により細胞が死滅する前、例えば培養開始から72時間目までに培養を終了することが好ましい。本発明形質転換体により産生されたエストロゲンレセプターの回収は、適宜、通常の単離、精製の方法を組み合わせれば良く、例えば、培養終了後、形質転換体の細胞を遠心分離等で集め、該細胞を通常のバッファー、例えば、20mM HEPES pH7, 1mM EDTA, 1mM DTT, 0.5mM PMSFからなるバッファー等に懸濁した後、ポリトロン、超音波、ダウンスホモジナイザー等を用いて細胞を破碎し、破碎液を数万xgで数十分から1時間程度超遠心分離し、上清画分を回収することにより、エストロゲンレセプターを含む画分を得ることができる。さらに、前記上清画分をイオン交換、疎水、ゲルろ過、アフィニティ等の各種クロマトグラフィーに供することにより、より精製されたエストロゲンレセプターを回収することもできる。この際、後述のエストロゲンレセプターが結合する塩基配列を含む15bpから200bp程度の長さのオリゴヌクレオチドをプローブとしたDNA結合アッセイなどにより、目的とするエストロゲンレセプターを含む画分を見分けることができる。このようにして製造された本発明のエストロゲンレセプターは、例えば、エストロゲンレセプターに対する化学物質の親和性を測定するためのラジオレセプターアッセイ等に用いることができる。

【0009】上述のようにして構築された本発明発現ベクターは、例えば、化学物質のエストロゲンレセプター活性化能を評価するためのレポーターアッセイに利用することができる。具体的には、エストロゲン応答配列を有しエストロゲンレセプターにより転写が制御される遺伝子、例えばビテロジェニン遺伝子の転写制御領域の下流にレポーター遺伝子を結合させたキメラ遺伝子、または、エストロゲン応答配列の下流に転写開始に必要な塩基配列とレポーター遺伝子とを結合させたキメラ遺伝子（以下、本キメラ遺伝子と記す。）を、細胞内でのエストロゲンレセプターの転写調節能をモニタ

ーするためのレポーター遺伝子として用いる。エストロゲン応答配列（estrogen response element）とは、エストロゲンにより転写が制御される遺伝子のプロモーターの上流に存在し、エストロゲンレセプターによって認識される塩基配列を意味する。エストロゲンの結合したエストロゲンレセプターは活性化されてエストロゲン応答配列に結合することにより、該配列の下流にある遺伝子の転写を促進する。エストロゲン応答配列のコンセンサス配列としては、塩基配列 AGGTCAXXX TGACCT（Xは、A、G、C、またはTを意味する。）が一般に知られている。レポーター遺伝子としては、ルシフェラーゼ遺伝子、分泌型アルカリフォスファターゼ遺伝子、βガラクトシダーゼ遺伝子、クロラムフェニコールアセチルトランスフェラーゼ遺伝子、成長ホルモン遺伝子などが利用できる。上述のように作製した本発明発現ベクターと、本キメラ遺伝子を組み込んだベクターとを、内在性のエストロゲンレセプターを産生していない宿主細胞、例えばHeLa細胞やNIH3T3細胞などに導入し形質転換体を取得する。この形質転換体をそのまま1日から数日間培養する間に、例えばエストロゲン様作用をもつ化学物質を培地中に加えて前記形質転換体に作用させる。該形質転換体が産生するエストロゲンレセプターが化学物質の結合により活性化された場合は、レポーター遺伝子のmRNAへの転写が促進され、ルシフェラーゼ酵素蛋白質が形質転換体の細胞内に蓄積する。この状態の形質転換体を破碎して細胞粗抽出物を調製し、レポーターの酵素活性等を指標にして細胞当たりのレポーター蛋白質の量を求める。例えば、レポーター遺伝子としてルシフェラーゼ遺伝子を用いた場合、前記細胞粗抽出物にルシフェラーゼの基質であるルシフェリンを加えると発光し、発光量はルシフェラーゼ量に比例する。従って、この発光量をルミノメーター等の測定装置で測定することにより、ルシフェラーゼ遺伝子の発現量がわかり、よって、その際に添加されていた化学物質のエストロゲンレセプター活性化能を評価することができる。また、本発明発現ベクターと、本キメラ遺伝子が組み込まれたベクターとを同時に宿主細胞に導入して、本発明遺伝子および本キメラ遺伝子が宿主細胞の染色体に導入されてなる形質転換体を取得し、上記レポーターアッセイに用いてもよい。該形質転換体は凍結保存が可能であり必要に応じて起眠して使用することできるので、これを一旦取得すると、アッセイの度ごとにこれらの遺伝子を宿主細胞に導入して新たな形質転換体を取得する必要が無く、また、形質転換体の性能を一定に保つこともできることから、例えばハイスループットスクリーニング等の自動化された大規模スクリーニングを実施する際に有用である。

【0010】

【実施例】以下、実施例により本発明を更に詳細に説明するが、本発明はこれら実施例によって限定されるもの

ではない。

【0011】実施例1（本発明遺伝子の取得）

餌（コイ稚魚用）に β -エストラジオール（和光純薬工業株式会社製）10mg/lを10mg/g餌となるように添加し、これにアセトンを加えてよく混和した後、ヘアードライヤーの下でアセトンを除去した。こうして得た処理餌を、約3ヶ月のヒメダカ雄10個体に3回/日の頻度で1日間飽食量与えた。 β -エストラジオール投与24時間後に、これらのヒメダカから内臓を摘出し、直ちに組織1

XU1 : 5'-ATG TAC CCT GAA GAG AGC CGG G-3' (22mer, GC/AT = 13/9)

XU14 : 5'-TCA GTC TTG AAG GGC CGG GGA G-3' (22mer, GC/AT = 14/8)

次いで、前記RT-PCRで得られたDNA断片をpCR2.1 (TA cloningベクター) にサブクローニングして大腸菌DH5- α に導入し、プラスミドを調製した(pCR-ER)。pCR2.1の塩基配列に基づくプライマーおよび上記のプライマー (XU1, XU14) を用い、ABI sequence systemで、前記のpCR-ERにクローニングされたDNA断片の塩基配列を決定した。その結果、配列番号2で示される塩基配列が明らか

XU36 : 5'-AAG CTT CAT GAG TAA GAG ACA GAG C-3' (25mer GC/AT = 11/14)

XU14 : 5'-TCA GTC TTG AAG GGC CGG GGA G-3' (22mer, GC/AT = 14/8)

次いで、前記RT-PCRで得られたDNA断片をpCR2.1 (TA cloningベクター) にサブクローニングして大腸菌DH5- α に導入し、プラスミドを調製した(pCR-ER2)。pCR2.1の塩基配列に基づくプライマーおよび上記のプライマー (XU36, XU14) を用い、ABI sequence systemで、前記のpCR-ER2にクローニングされたDNA断片の塩基配列を決定した。その結果、配列番号4で示される塩基配列が明らかとなった。

【0012】実施例2（本発明遺伝子発現用ベクターの構築）

実施例1で得られたプラスミドpCR-ERからエストロジェンレセプター遺伝子をXba I とHind IIIで切り出し、同じ制限酵素で消化した発現ベクターpRc/RSVに組み込み、エストロジェンレセプターを発現させるための発現

オリゴヌクレオチド1:

5'-CCA AAG TCA GGT CAC AGT GAC CTG ATC AAA GGA AC-3'

オリゴヌクレオチド2:

5'-CTT TGA TCA GGT CAC TGT GAC CTG ACT TTG GGT TC-3'

両オリゴヌクレオチドの末端をカイネーションによりリン酸化した。カイネーション反応液は、10 nmolのオリゴヌクレオチド1または10 nmolのオリゴヌクレオチド2、5 μ lの10 Xカイネーションバッファー、1 μ lの10 mMのATP、2.5 μ lのポリヌクレオチドキナーゼ（宝酒造社製）を1.5 ml容チューブに採り、滅菌蒸留水を加え全量を50 μ lとして調製した。カイネーション反応は37°Cで1時間行った。反応終了後、リン酸化したオリゴヌクレオチド1とオリゴヌクレオチド2をアニーリングさせ、2本鎖のEREを得た。アニーリング反応液は、リン酸化させたオリゴヌクレオチド1およびオリゴヌクレオチド2のそれぞれ20 μ lずつを、1.5 ml容チュー

gあたり10mlのトリゾール試薬を加えてホモジナイズした後、クロロホルムを加えて遠心分離した。水相を採取してイソプロパノールを加えRNAを沈澱させた。約0.3g約500 μ gのRNAが得られた。このようにして調製したRNA 1 μ gを鋳型とし、ランダム9merプライマーを用い、予め30°Cで10分間逆転写反応を行い、引き続き42°Cで50分間逆転写反応を行った。続いて下記のプライマー (XU1とXU14) を用い PCR (30サイクル、94°C 30sec-1min、50-60°C 1-1.5min、72°C 1-3min)を行った。

となった。また、上記のようにして調製したRNA 1 μ gを鋳型とし、ランダム9merプライマーを用い、予め30°Cで10分間逆転写反応を行い、引き続き42°Cで50分間逆転写反応を行った。続いて下記のプライマー (XU36とXU14) を用い PCR (30サイクル、94°C 30sec-1min、50-60°C 1-1.5min、72°C 1-3min)を行った。

ベクターRSV-ERを構築した。具体的な過程を図1に、発現ベクターRSV-ERの構造の詳細を図2示す。また、同様にして、実施例1で得られたプラスミドpCR-ER2からエストロジェンレセプター遺伝子をXba I とHind IIIで切り出し、同じ制限酵素で消化した発現ベクターpRc/RSVに組み込み、エストロジェンレセプターを発現させるための発現ベクターRSV-ER2を構築した。

【0013】実施例3（エストロジェンレセプターに応答するレポーター遺伝子を有するベクターの構築）

既知のセノバスのA2ピテロジェニン遺伝子 (GenBank Accession No. X00205) の5' 末端領域のエストロジェン応答配列 (以下、EREと記す。) のコンセンサス配列をもとに、下記のオリゴヌクレオチド1およびオリゴヌクレオチド2を合成した。

ープに加え、95°Cで5分間保温し、60°C、次いで37°Cにてそれぞれ1時間保温した後、室温で約1時間放置した。反応終了後、10 μ lのアニーリング反応液に10 μ lのDNAリガーゼ（ライゲーションキット、宝酒造社製）を加え、2本鎖のERE断片を連結した。反応液をアガロースゲル電気泳動に供してDNA断片の長さを分析し、ERE断片が4個連結されたと判断されるDNA断片（以下、4 X ERE断片と記す。）およびERE断片が5個連結されたと判断されるDNA断片（以下、5 X ERE断片と記す。）をそれぞれ回収した。これらのDNA断片をブランチングキット（宝酒造社製）を用い、末端を平滑化した。一方、pBluescript (SK-)を制限酵素EcoR I (宝酒

造社製)で切断し、5'末端をアルカリフォスファターゼ(宝酒造社製)で脱リン酸化した。前記のDNA断片(4 X ERE断片または5 X ERE断片)とpBluescript(SK-)とをそれぞれDNAライゲーションキットを用いて結合した。得られた反応液で大腸菌DH5 α のコンピテントセル(東洋紡社製)を形質転換してアンピシリン耐性となった株を選抜し、該アンピシリン耐性株からプラスミドDNAを調製し、塩基配列をABI PRISMTM 377 DNA Sequence System(パーキンエルマージャパン社製)で確認した。次に、HSV tkプロモーター配列を持つベクターpTK β (クロンテック)を制限酵素Sal IおよびXho I(それぞれ宝酒造社とニッポンジーン社製)で切断した後アガロースゲル電気泳動で分析し、約1 kbpのtkプロモーター断片を得た。該断片をプランティンクキットを用い、末端を平滑化した。一方、ルシフェラーゼ遺伝子を持つレポータープラスミドpGL-3(ピッカジーン)を制限酵素Sma I(宝酒造社製)で切断し、5'末端をアルカリフォスファターゼ(宝酒造社製)で脱リン酸化した。2つのDNA断片をDNAライゲーションキットを用いて結合した。得られた反応液で大腸菌DH5 α のコンピテントセル(東洋紡)を形質転換してアンピシリン耐性となった株を選抜し、該アンピシリン耐性株からプラスミドDNAを調製し、tkプロモーター挿入したレポータープラスミド(tk-pGL-3)を取得した。次に、上記の4 X ERE断片が挿入されたpBluescriptを制限酵素Kpn IおよびXba I(それぞれ宝酒造社とニッポンジーン社製)で切断し、アガロースゲル電気泳動で4 X ERE断片を回収した。一方、tk-pGL-3をKpn IおよびNhe I(いずれも宝酒造社製)で消化し、5'末端をアルカリフォスファターゼ(宝酒造社製)で脱リン酸化した。このようにして調製された4 X ERE断片とtk-pGL-3とをDNAライゲーションキットを用いて結合した。得られた反応液で大腸菌DH5 α 株のコンピテントセル(東洋紡)を形質転換してアンピシリン耐性となった株を選抜し、該アンピシリン耐性株からプラスミドDNAを調製し、4 X ERE断片およびtkプロモーター断片を保有するレポータープラスミド(ERE-tk-pGL)を取得した。該プラスミドの構築の過程を図3に、該プラスミドの構造を図4に示す。また、同様に、上記の5 X ERE断片が挿入されたpBluescriptから5 X ERE断片を回収し、該断片と、Kpn IおよびNhe Iで消化されたtk-pGL-3とを結合させ、5 X ERE断片およびtkプロモーター断片を保有するレポータープラスミド(ERE5-tk-pGL)を取得した。

【0014】実施例4(プラスミドDNAの大量調製)
実施例2で得られた発現ベクターRSV-ER、レポータープラスミドERE-tk-pGLおよびERE5-tk-pGL、ならびにコントロールレポータープラスミドであるpRL-tk(ピッカジーン)のDNAを以下の方法より大量に調製した。上記プラスミドを含む大腸菌をアンピシリン(終濃度50 μ g/ml)を含有LB培地3mlに植菌し、37°Cで一晩振動培養した。そ

の培養液をアンピシリン(50 μ g/ml)を含むLB培地200mlに植菌し、一晩振動培養した。一晩培養後の菌体を5,000 rpm、10分間、4°Cで遠心分離し(CR21、日立工機)、得られた沈澱を0.1 MのSTEバッファー60 mlに懸濁し、同条件で再度遠心分離した。沈澱を3 mlのsolution 1に懸濁し、1 mlのリゾチーム(20 mg/ml)を加え、室温で5分間放置した。引き続き10 mlのSolution 2を加え、氷上に10分間放置した後、7.5 mlのsolution 3を加え、氷上に15分間放置した。12,000 rpm、20分、4°Cで遠心分離し、上清を50 mlチューブに移し、0.6容量のイソプロピルアルコールを加え、室温で15分間放置した。3,000 rpm、10分間、室温で遠心分離し(CR5DL、日立工機)、70%エタノールで洗浄し、乾燥させた。沈澱を4.2 mlのTEバッファーに溶かし、5 mg/ml Rnase溶液(ニッポンジーン)を28 μ l加え、50°C、30分間インキュベートした。2 mg/mlエチジウムブロマイド溶液400 μ lとCsCl(関東化学)4.6 gを加えた後、日立工機シールチューブに移し、55,000 rpm、20°C、16時間遠心分離(SCP85H2、日立工機)した。スーパーコイルドプラスミドDNAのバンドを注射筒で抜き取り、55,000 rpm、20°C、16時間再度遠心分離した。再びスーパーコイルプラスミドDNAのバンドを注射筒で抜き取り、水飽和イソアミルアルコールでエチジウムブロマイドを完全に除き、一晩5 mM STEバッファーに透析した後、試料として用いた。

【0015】実施例5(細胞の培養)

不活化済み牛胎仔血清(GIBCO-BRL、米国)を活性炭-デキストランで処理し、細胞培養の培地作製に用いた。処理過程における各ステップは以下の通りであった。25 Mスクロース(和光純薬)、1.5 mM MgCl₂(和光純薬)、10 mM HEPES(pH7.4)(同仁化学、熊本)1L中にノーリットEXW(ナカライテスク)2.5gとデキストランT-70(ファルマシアバイオテック、スウェーデン)0.25gを懸濁し、4°Cで終夜攪拌した。本懸濁液を12,000rpmで10分遠心(CR21、日立工機)して活性炭を沈殿させた。これを不活化済み牛胎仔血清(GIBCO-BRL、米国)1Lに懸濁し、4°Cで終夜攪拌した。その後、12,000rpmで10分遠心(CR21、日立工機)して活性炭を沈殿させ、取り除いた。以上の操作を2回繰り返した後、ザルトラフV500(0.20 μ m、ザルトリウス、独国)を用いてフィルターろ過したろ液を活性炭-デキストラン処理済みの牛胎仔血清とした。ヒト子宮癌細胞株Hela(大日本製薬製)を、10%活性炭-デキストラン処理済みの牛胎仔血清、0.03% L-グルタミン(日本製薬)および0.15% 炭酸水素ナトリウムを添加したイーグルMEM(日本製薬)培地を用いて10 cmの組織培養用ディッシュ(ファルコン)に培養した。細胞の継代・播種は培地を除去後、適量のPBS(-)(日本製薬)で接着した細胞を洗浄し、PBS(-)80mlに5%トリプシン(DIFCO、米国)10ml、0.2% EDTA \cdot 3Na(同仁化学)10mlを添加した液を用いて細胞を剥離した。細胞の培養はすべて5% O₂および飽和湿度下、37°C

でCO₂インキュベータ（アステック）内で培養した。

【0016】実施例6（レポーターアッセイ）

以下の操作を各条件ごとに4連で実験を行った。実施例5で培養した細胞の培地を除去し、PBS(-)で1回洗浄した。5%トリプシン（DIFCO, 米国）5 mlを加え、細胞を剥離した。細胞の計数した後24ウェルマルチウェルプレート（ファルコン）に播種した。細胞を1ウェルあたり40,000個のHeLa細胞を播種した。1ウェルあたり0.5mlの10% 活性炭-デキストラン処理済みの牛胎仔血清含有培地を添加し翌日まで培養した。トランスフェクションは1ウェルあたり0.25~1.0 μ gのレセプター発現ベクターRSV-ER、0.1~0.5 μ gのレポータープラスミドERE-tk-pGLまたはERE5-tk-pGL、および、0.05~0.1 μ gのコントロールレポータープラスミドpRL-tkを、0.35 μ l/ウェルのリポフェクチン(GIBCO-BRL)またはリポフェクタミン(GIBCO-BRL)を用いて、無血清培地中にて細胞に導入した。1ウェルあたりの培地量は200 μ lとした。導入方法は添付説明書に従った。各細胞をトランスフェクション培地中で5時間培養後に10% 活性炭-デキストラン処理済みの牛胎仔血清含有培地に交換し、翌日まで培養を続けた。次いで、 β -エストラジオール（和光純薬社製）をDMSO（関東化学）に溶解しイーグルMEM培地に溶かし、上述の細胞に添加した。 β -エストラジオール終濃度は10 pMから100 nMの範囲とした。 β -エストラジオール添加後の1ウェルあたりの培地量は1 mlとした。 β -エストラジオールを添加してから約28時間培養後、培地を除去し、 β -エストラジオールに曝露した細胞をPBS(-)で2回洗浄した。ピッカジーンデュアルキット（東洋インキ）中の細胞溶解剤を超純水で5倍希釈したものを1ウェルあたり50 μ l添加し、室温で30分間放置して細胞を溶解した。方法はキットの添付説明書に従った。細胞溶解液10 μ lを白色96ウェルマルチウェルプレート（構造測定用、ベルトールド、ドイツ）に移し、キット中の発光基質2種（ルシフェリン、セランテラジン）を順次添加し、それぞれの発光量をルミノメーター（ベルトールド、LB96P）で測定した。はじめに添加する発光基質はレポータープラスミドERE-tk-pGL由来のホタルルシフェラーゼによる発光を測定するために用い、後で添加する発光基質はコントロールレポータープラスミドpRL-tk由来のシーバンジールルシフェラーゼによる発光を測定するために用いた。前者の発光量は化学物質が遺伝子の転写活性にあたえる影響を反映している。また、後者の発光量は内部標準として個々の実験データを補正するために用いる。

【0017】実施例7（トランスフェクション条件の検討）

実施例6記載のレポーターアッセイにおいて、トランスフェクションの際の各ウェルへのプラスミドの添加量と、リポフェクチンまたはリポフェクタミンの添加量について検討した。まず、各ウェルに、プラスミド（tk-p

GL-3)を0.2 μ gから1.2 μ g、リポフェクチンまたはリポフェクタミンを0.2 μ lから0.8 μ lの範囲で添加してトランスフェクションを行い、得られた細胞を培養して、実施例6記載の方法に従ってルシフェラーゼ活性を測定した。結果を図5に示した。リポフェクチンを用いた場合には、リポフェクチン0.4 μ lとプラスミド0.4 μ gを加えたときに、リポフェクタミンを用いた場合は、リポフェクタミンを0.6 μ lとプラスミド0.4 μ g加えたときに、それぞれ最も高いルシフェラーゼ活性が認められた。次に、リポフェクチンまたはリポフェクタミン添加量について更に詳細に検討した。すなわち、各ウェルに加えるプラスミド量（0.4 μ g）を固定し、リポフェクチンはウェル当たり0.3~0.55 μ lの範囲で、とりポフェクタミンはウェル当たり0.4~0.9 μ lの範囲で添加し、ルシフェラーゼ活性を測定した。その結果を図6に示した。リポフェクチンを0.35 μ l加えた場合、または、リポフェクタミンを0.6 μ l加えた場合にそれぞれ最も高いルシフェラーゼ活性を認めた。この結果を基に、リポフェクチンとリポフェクタミンの添加量をそれぞれ0.35 μ lと0.6 μ lに固定して、再度プラスミドの添加量を詳細に検討した。その結果を図7に示した。プラスミドを0.4~0.6 μ gを加えた場合に最も高いルシフェラーゼ活性が認められた。以上の結果を基に、レポーターアッセイにおける各ウェルに添加する最適なプラスミドの量を0.4 μ g ~ 0.6 μ g、リポフェクチンの量を0.35 μ l、リポフェクタミンの量を0.6 μ lと決定した。

【0018】実施例8（ β -エストラジオールによる反応性の確認）

実施例6記載の方法および実施例7で得られた最適条件下に、HeLa細胞における β -エストラジオール（E₂）のエストロジェンレセプター活性化能を測定した。ウェル内の β -エストラジオールの終濃度が10pMから50 μ Mとなる条件でルシフェラーゼ活性を測定した。結果を図8と9に示した。100pM以上でルシフェラーゼ活性の上昇を認め、1nMでの活性は最大に達した。 β -エストラジオール50 μ Mでは活性の低下が認められたがこれは細胞毒性によるものであると思われる。

【0019】実施例9（化学物質のエストロゲン様作用の測定）

実施例6の方法および実施例7の結果で得られた最適条件下に、HeLa細胞におけるビスフェノールA、p-ノニルフェノール、酢酸トリブチルすず、またはフタル酸ジ-2-エチルヘキシルのエストロジェンレセプター活性化能を測定した。アッセイにおける各被験化学物質の終濃度は10 pMから50 μ Mの範囲として実験を行った。各被験化学物質の溶解性を光学顕微鏡下、沈殿物あるいは浮遊物がないことを目視で確認した。また、被験化合物に替えて β -エストラジオールを終濃度500pMとなるように添加した群を設定し、陽性対照とした。ビスフェノールAまたはノニルフェノールでは100nMで活性が上昇し

始め、10 μ Mでは活性化倍率は溶媒コントロール（DMSOのみ添加）の約5倍に上昇した（図10、11）。酢酸トリブチルすずまたはフタル酸ジ-2-エチルヘキシルでは活性の上昇は認められなかった（図12、13）。さらに上記4種について50 μ Mでの実験も行った。その結果を図14に示した。ビスフェノールAで更なる活性の上昇を認めた。ノニルフェノールにおいては細胞に対する毒性に起因すると思われる活性の低下が認められた。

【0020】参考例1（他の細胞用いたアッセイ）

他の種類の培養細胞を選び、実施例5～9と同様の実験を行う。

【0021】

【発明の効果】メダカエストロゲンレセプターをコードする遺伝子、および、化学物質の該レセプター活性化能を評価するための試験系等が提供可能となる。

【0022】

【配列表】

<110>: Sumitomo Chemical Company Limited

<120>: Estrogen receptor genes

<130>: P150237

<150>: JP 10/319465

<151>: 1998-11-10

<160>: 4

<210>: 1

<211>: 575

<212>: PRT

<213>: Oryzias latipes

<400>: 1

```
Met. Tyr Pro Glu Glu Ser Arg Gly Ser Gly Gly Val Ala Ala Val Asp
  1             5             10             15
Leu Leu Glu Gly Thr Tyr Asp Tyr Ala Ala Pro Asn Pro Ala Thr Thr
          20             25             30
Pro Leu Tyr Ser Gln Ser Ser Thr Gly Tyr Tyr Ser Ala Pro Leu Glu
      35             40             45
Thr Asn Gly Pro Pro Ser Glu Gly Ser Leu Gln Ser Leu Gly Ser Gly
      50             55             60
Pro Thr Ser Pro Leu Val Phe Val Pro Ser Ser Pro Arg Leu Ser Pro
      65             70             75             80
Phe Met. His Pro Pro Ser His His Tyr Leu Glu Thr Thr Ser Thr Pro
          85             90             95
Val Tyr Arg Ser Ser His Gln Gly Ala Ser Arg Glu Asp Gln Cys Gly
      100             105             110
Ser Arg Glu Asp Thr Cys Ser Leu Gly Glu Leu Gly Ala Gly Ala Gly
      115             120             125
Ala Gly Gly Phe Glu Met. Ala Lys Asp Thr Arg Phe Cys Ala Val Cys
      130             135             140
Ser Asp Tyr Ala Ser Gly Tyr His Tyr Gly Val Trp Ser Cys Glu Gly
      145             150             155             160
Cys Lys Ala Phe Phe Lys Arg Ser Ile Gln Gly His Asn Asp Tyr Met.
          165             170             175
Cys Pro Ala Thr Asn Gln Cys Thr Ile Asp Arg Asn Arg Arg Lys Gly
      180             185             190
```

Cys Gln Ala Cys Arg Leu Arg Lys Cys Tyr Glu Val Gly Met Met Lys
 195 200 205
 Gly Gly Val Arg Lys Asp Arg Ile Arg Ile Leu Arg Arg Asp Lys Arg
 210 215 220
 Arg Thr Gly Val Gly Asp Gly Asp Lys Val Val Lys Gly Gln Glu His
 225 230 235 240
 Lys Thr Val His Tyr Asp Gly Arg Lys Arg Ser Ser Thr Gly Gly Gly
 245 250 255
 Gly Gly Gly Gly Gly Arg Leu Ser Val Thr Ser Ile Pro Pro Glu
 260 265 270
 Gln Val Leu Leu Leu Leu Gln Gly Ala Glu Pro Pro Ile Leu Cys Ser
 275 280 285
 Arg Gln Lys Leu Ser Arg Pro Tyr Thr Glu Val Thr Met Met Thr Leu
 290 295 300
 Leu Thr Ser Met Ala Asp Lys Glu Leu Val His Met Ile Ala Trp Ala
 305 310 315 320
 Lys Lys Leu Pro Gly Phe Leu Gln Leu Ser Leu His Asp Gln Val Leu
 325 330 335
 Leu Leu Glu Ser Ser Trp Leu Glu Val Leu Met Ile Gly Leu Ile Trp
 340 345 350
 Arg Ser Ile His Cys Pro Gly Lys Leu Ile Phe Ala Gln Asp Leu Ile
 355 360 365
 Leu Asp Arg Asn Glu Gly Asp Cys Val Glu Gly Met Thr Glu Ile Phe
 370 375 380
 Asp Met Leu Leu Ala Thr Ala Ser Arg Phe Arg Val Leu Lys Leu Lys
 385 390 395 400
 Pro Glu Glu Phe Val Cys Leu Lys Ala Ile Ile Leu Leu Asn Ser Gly
 405 410 415
 Ala Phe Ser Phe Cys Thr Gly Thr Met Glu Pro Leu His Asn Ser Ala
 420 425 430
 Ala Val Gln Ser Met Leu Asp Thr Ile Thr Asp Ala Leu Ile His Tyr
 435 440 445
 Ile Ser Gln Ser Gly Tyr Leu Ala Gln Glu Gln Ala Arg Arg Gln Ala
 450 455 460
 Gln Pro Leu Leu Leu Leu Ser His Ile Arg His Met Ser Asn Lys Gly
 465 470 475 480
 Met Glu His Leu Tyr Ser Met Lys Cys Lys Asn Lys Val Pro Leu Tyr
 485 490 495
 Asp Leu Leu Leu Glu Met Leu Asp Ala His Arg Leu His His Pro Val
 500 505 510
 Arg Ala Pro Gln Ser Leu Ser Gln Val Asp Arg Asp Pro Pro Ser Thr
 515 520 525
 Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ile Ala Pro Gly Ser Ile Ser Ala Ser Arg
 530 535 540
 Gly Arg Ile Glu Ser Pro Ser Arg Gly Pro Phe Ala Pro Ser Val Leu
 545 550 555 560
 Gln Tyr Gly Gly Ser Arg Pro Asp Cys Thr Pro Ala Leu Gln Asp
 565 570 575

<:210>; 2

<:211>: 1728

<:212>: DNA

<:213>: *Oryzias latipes*

<:220>:

<:221>: CDS

<:222>: (1)...(1728)

<:400>: 2

alg lac ccl gaa gag agc egg ggt tct gga ggg gtg gct gct gtg gac	48
Met Tyr Pro Glu Glu Ser Arg Gly Ser Gly Gly Val Ala Ala Val Asp	
1 5 10 15	
ccl ttg gaa ggg acg tac gac tat gcc gcc ccc aac cct gcc acg act	96
Leu Leu Glu Gly Thr Tyr Asp Tyr Ala Ala Pro Asn Pro Ala Thr Thr	
20 25 30	
ccc ccl tac agc cag tcc agc acc gcc tac tac tct gct ccc ctg gaa	144
Pro Leu Tyr Ser Gln Ser Ser Thr Gly Tyr Tyr Ser Ala Pro Leu Glu	
35 40 45	
aca aac gga ccc ccc lea gaa gcc agt ctg cag tcc ctg gcc agt ggg	192
Thr Asn Gly Pro Pro Ser Glu Gly Ser Leu Gln Ser Leu Gly Ser Gly	
50 55 60	
cgg acg agc ccl ctg gtg ttt gtg ccc tcc agc ccc aga ctc agt ccc	240
Pro Thr Ser Pro Leu Val Phe Val Pro Ser Ser Pro Arg Leu Ser Pro	
65 70 75 80	
ttt atg cat cca ccc agc cac cac tat ctg gaa acc act tcc acg ccc	288
Phe Met His Pro Pro Ser His His Tyr Leu Glu Thr Thr Ser Thr Pro	
85 90 95	
gtt tac aga tcc agc cac cag gga gcc tcc agg gag gac cag tgc gcc	336
Val Tyr Arg Ser Ser His Gln Gly Ala Ser Arg Glu Asp Gln Cys Gly	
100 105 110	
tcc egg gag gac acg tgc agc ctg ggg gag tta gcc gcc gga gcc ggg	384
Ser Arg Glu Asp Thr Cys Ser Leu Gly Glu Leu Gly Ala Gly Ala Gly	
115 120 125	
gct ggg ggg ttt gag atg gcc aaa gac acg cgt ttc tgc gcc gtg tgc	432
Ala Gly Gly Phe Glu Met Ala Lys Asp Thr Arg Phe Cys Ala Val Cys	
130 135 140	
agc gac tac gcc tct ggg tac cac tat ggg gtg tgg tct tgt gag gcc	480
Ser Asp Tyr Ala Ser Gly Tyr His Tyr Gly Val Trp Ser Cys Glu Gly	
145 150 155 160	
tgc aag gcc ttc ttc aag agg agc atc cag ggt cac aat gac tat atg	528
Cys Lys Ala Phe Phe Lys Arg Ser Ile Gln Gly His Asn Asp Tyr Met	
165 170 175	
tgc cca gcc acc aat cag tgc act att gac aga aat cga agg aag gcc	576
Cys Pro Ala Thr Asn Gln Cys Thr Ile Asp Arg Asn Arg Arg Lys Gly	
180 185 190	
tgt cag gct tgt cgt ctt agg aag tgt tac gaa gtg gga atg atg aaa	624
Cys Gln Ala Cys Arg Leu Arg Lys Cys Tyr Glu Val Gly Met Met Lys	
195 200 205	
ggc ggt gtg cgc aag gac cgc att cgc att tta cgg cgt gac aaa cgg	672
Gly Gly Val Arg Lys Asp Arg Ile Arg Ile Leu Arg Arg Asp Lys Arg	

210	215	220	
cgg aca ggc gtt ggt gat gga gac aag gtt gta aag ggt cag gag cat			720
Arg Thr Gly Val Gly Asp Gly Asp Lys Val Val Lys Gly Gln Glu His			
225	230	235	240
aaa acg gtg cat tat gat gga agg aaa cgc agc agc aca gga gga gga			768
Lys Thr Val His Tyr Asp Gly Arg Lys Arg Ser Ser Thr Gly Gly Gly			
245	250	255	
gga gga gga gga gga gga aga ctg tct gtg acc agc ata cct cct gag			816
Gly Gly Gly Gly Gly Gly Arg Leu Ser Val Thr Ser Ile Pro Pro Glu			
260	265	270	
cag gtg ctg ctc ctc ctt cag ggc gcc gag ccc ccg ata ctc tgc tgc			864
Gln Val Leu Leu Leu Leu Gln Gly Ala Glu Pro Pro Ile Leu Cys Ser			
275	280	285	
cgt cag aag ttg agc cga ccg tac acc gag gtc acc atg atg acc ctg			912
Arg Gln Lys Leu Ser Arg Pro Tyr Thr Glu Val Thr Met Met Thr Leu			
290	295	300	
ctc acc agc atg gca gac aag gag ctg gtc cac atg atc gcc tgg gcc			960
Leu Thr Ser Met Ala Asp Lys Glu Leu Val His Met Ile Ala Trp Ala			
305	310	315	320
aag aag ctc cca ggt ttt ctg cag ctg tcc ctg cac gat cag gtg ctg			1008
Lys Lys Leu Pro Gly Phe Leu Gln Leu Ser Leu His Asp Gln Val Leu			
325	330	335	
ctg ctg gag agc tgc tgg ctg gag glg ctc atg atc ggc ctc att tgg			1056
Leu Leu Glu Ser Ser Trp Leu Glu Val Leu Met Ile Gly Leu Ile Trp			
340	345	350	
agg tcc atc cac tgt ccc ggg aag ctc atc ttt gca caa gac ctc atc			1104
Arg Ser Ile His Cys Pro Gly Lys Leu Ile Phe Ala Gln Asp Leu Ile			
355	360	365	
ctg gac agg aat gag gga gac tgc gtg gaa ggc atg acg gag atc ttc			1152
Leu Asp Arg Asn Glu Gly Asp Cys Val Glu Gly Met Thr Glu Ile Phe			
370	375	380	
gac atg ctg ctg gcc act gct tcc cgc ttc cgt gtg ctc aaa ctc aaa			1200
Asp Met Leu Leu Ala Thr Ala Ser Arg Phe Arg Val Leu Lys Leu Lys			
385	390	395	400
cct gag gaa ttc gtc tgc ctc aaa gct att att tta ctc aac tcc ggt			1248
Pro Glu Glu Phe Val Cys Leu Lys Ala Ile Ile Leu Leu Asn Ser Gly			
405	410	415	
gct ttt tct ttc tgc acc ggc acc atg gag cca ctt cac aac agc gcg			1296
Ala Phe Ser Phe Cys Thr Gly Thr Met Glu Pro Leu His Asn Ser Ala			
420	425	430	
gcg gtt cag agc atg ctg gac acc atc aca gac gca ctc att cat tac			1344
Ala Val Gln Ser Met Leu Asp Thr Ile Thr Asp Ala Leu Ile His Tyr			
435	440	445	
atc agt cag tgc ggt tac ttg gcc cag gag cag gcg aga cgg cag gcc			1392
Ile Ser Gln Ser Gly Tyr Leu Ala Gln Glu Gln Ala Arg Arg Gln Ala			
450	455	460	
cag ccg ctc ctg ctg ctc tcc cac atc agg cac atg agc aac aaa ggc			1440
Gln Pro Leu Leu Leu Leu Ser His Ile Arg His Met Ser Asn Lys Gly			
465	470	475	480
atg gag cac ctc tac agc atg aag tgc aag aac aaa gtc cct ctt tat			1488

Met Glu His Leu Tyr Ser Met Lys Cys Lys Asn Lys Val Pro Leu Tyr
 485 490 495
 gac ctc cta ctg gag atg ctc gat gcc cac cgc ctg cac cac ccc gtc 1536
 Asp Leu Leu Leu Glu Met Leu Asp Ala His Arg Leu His His Pro Val
 500 505 510
 aga gcc ccc cag tcc ttg tcc caa gtc gac aga gac cct ccc tcc acc 1584
 Arg Ala Pro Gln Ser Leu Ser Gln Val Asp Arg Asp Pro Pro Ser Thr
 515 520 525
 agc agc ggc ggg ggt gga atc gct ccc ggt tct ata tca gca tct cga 1632
 Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ile Ala Pro Gly Ser Ile Ser Ala Ser Arg
 530 535 540
 ggc aga atc gag agt ccc agc aga ggc ccc ttt gct ccc agt gtc ctt 1680
 Gly Arg Ile Glu Ser Pro Ser Arg Gly Pro Phe Ala Pro Ser Val Leu
 545 550 555 560
 cag tat gga ggg tgg cgt cct gac tgc acc ccc gcc ctt caa gac tga 1728
 Gln Tyr Gly Gly Ser Arg Pro Asp Cys Thr Pro Ala Leu Gln Asp
 565 570 575

<:210>: 3

<:211>: 620

<:212>: PRT

<:213>: Oryzias latipes

<:400>: 1

Met Ser Lys Arg Gln Ser Ser Val Gln Ile Arg Gln Leu Phe Gly Pro
 1 5 10 15
 Ala Leu Arg Ser Arg Ile Ser Pro Ala Ser Ser Glu Leu Glu Thr Leu
 20 25 30
 Ser Pro Pro Arg Leu Ser Pro Arg Asp Pro Leu Gly Asp Met Tyr Pro
 35 40 45
 Glu Glu Ser Arg Gly Ser Gly Gly Val Ala Ala Val Asp Leu Leu Glu
 50 55 60
 Gly Thr Tyr Asp Tyr Ala Ala Pro Asn Pro Ala Thr Thr Pro Leu Tyr
 65 70 75 80
 Ser Gln Ser Ser Thr Gly Tyr Tyr Ser Ala Pro Leu Glu Thr Asn Gly
 85 90 95
 Pro Pro Ser Glu Gly Ser Leu Gln Ser Leu Gly Ser Gly Pro Thr Ser
 100 105 110
 Pro Leu Val Phe Val Pro Ser Ser Pro Arg Leu Ser Pro Phe Met His
 115 120 125
 Pro Pro Ser His His Tyr Leu Glu Thr Thr Ser Thr Pro Val Tyr Arg
 130 135 140
 Ser Ser His Gln Gly Ala Ser Arg Glu Asp Gln Cys Gly Ser Arg Glu
 145 150 155 160
 Asp Thr Cys Ser Leu Gly Glu Leu Gly Ala Gly Ala Gly Ala Gly Gly
 165 170 175
 Phe Glu Met Ala Lys Asp Thr Arg Phe Cys Ala Val Cys Ser Asp Tyr
 180 185 190
 Ala Ser Gly Tyr His Tyr Gly Val Trp Ser Cys Glu Gly Cys Lys Ala
 195 200 205

Phe Phe Lys Arg Ser Ile Gln Gly His Asn Asp Tyr Met Cys Pro Ala
 210 215 220
 Thr Asn Gln Cys Thr Ile Asp Arg Asn Arg Arg Lys Gly Cys Gln Ala
 225 230 235 240
 Cys Arg Leu Arg Lys Cys Tyr Glu Val Gly Met Met Lys Gly Gly Val
 245 250 255
 Arg Lys Asp Arg Ile Arg Ile Leu Arg Arg Asp Lys Arg Arg Thr Gly
 260 265 270
 Val Gly Asp Gly Asp Lys Val Val Lys Gly Gln Glu His Lys Thr Val
 275 280 285
 His Tyr Asp Gly Arg Lys Arg Ser Ser Thr Gly Gly Gly Gly Gly Gly
 290 295 300
 Gly Gly Gly Arg Leu Ser Val Thr Ser Ile Pro Pro Glu Gln Val Leu
 305 310 315 320
 Leu Leu Leu Gln Gly Ala Glu Pro Pro Ile Leu Cys Ser Arg Gln Lys
 325 330 335
 Leu Ser Arg Pro Tyr Thr Glu Val Thr Met Met Thr Leu Leu Thr Ser
 340 345 350
 Met Ala Asp Lys Glu Leu Val His Met Ile Ala Trp Ala Lys Lys Leu
 355 360 365
 Pro Gly Phe Leu Gln Leu Ser Leu His Asp Gln Val Leu Leu Leu Glu
 370 375 380
 Ser Ser Trp Leu Glu Val Leu Met Ile Gly Leu Ile Trp Arg Ser Ile
 385 390 395 400
 His Cys Pro Gly Lys Leu Ile Phe Ala Gln Asp Leu Ile Leu Asp Arg
 405 410 415
 Asn Glu Gly Asp Cys Val Glu Gly Met Thr Glu Ile Phe Asp Met Leu
 420 425 430
 Leu Ala Thr Ala Ser Arg Phe Arg Val Leu Lys Leu Lys Pro Glu Glu
 435 440 445
 Phe Val Cys Leu Lys Ala Ile Ile Leu Leu Asn Ser Gly Ala Phe Ser
 450 455 460
 Phe Cys Thr Gly Thr Met Glu Pro Leu His Asn Ser Ala Ala Val Gln
 465 470 475 480
 Ser Met Leu Asp Thr Ile Thr Asp Ala Leu Ile His Tyr Ile Ser Gln
 485 490 495
 Ser Gly Tyr Leu Ala Gln Glu Gln Ala Arg Arg Gln Ala Gln Pro Leu
 500 505 510
 Leu Leu Leu Ser His Ile Arg His Met Ser Asn Lys Gly Met Glu His
 515 520 525
 Leu Tyr Ser Met Lys Cys Lys Asn Lys Val Pro Leu Tyr Asp Leu Leu
 530 535 540
 Leu Glu Met Leu Asp Ala His Arg Leu His His Pro Val Arg Ala Pro
 545 550 555 560
 Gln Ser Leu Ser Gln Val Asp Arg Asp Pro Pro Ser Thr Ser Ser Gly
 565 570 575
 Gly Gly Gly Ile Ala Pro Gly Ser Ile Ser Ala Ser Arg Gly Arg Ile
 580 585 590
 Glu Ser Pro Ser Arg Gly Pro Phe Ala Pro Ser Val Leu Gln Tyr Gly
 595 600 605

Gly Ser Arg Pro Asp Cys Thr Pro Ala Leu Gln Asp

610

615

<:210>: 2

<:211>: 1863

<:212>: DNA

<:213>: Oryzias latipes

<:220>:

<:221>: CDS

<:222>: (1)...(1863)

<:400>: 2

atg agt aag aga cag agc tgc gtg cag atc agg cag ctg ttc gga cca	48
Met Ser Lys Arg Gln Ser Ser Val Gln Ile Arg Gln Leu Phe Gly Pro	
1 5 10 15	
gca ctc aga tcc agg atc agc cca gcc tcc tca gag ctg gag acc ctc	96
Ala Leu Arg Ser Arg Ile Ser Pro Ala Ser Ser Glu Leu Glu Thr Leu	
20 25 30	
tcc cca cct cgc ctc tgc ccc cgt gac ccc ctc ggt gac atg tac cct	144
Ser Pro Pro Arg Leu Ser Pro Arg Asp Pro Leu Gly Asp Met Tyr Pro	
35 40 45	
gaa gag agc cgg ggt tct gga ggg gtg gct gct gtg gac ctt ttg gaa	192
Glu Glu Ser Arg Gly Ser Gly Gly Val Ala Ala Val Asp Leu Leu Glu	
50 55 60	
ggg acg tac gac tat gcc gcc ccc aac cct gcc acg act ccc ctt tac	240
Gly Thr Tyr Asp Tyr Ala Ala Pro Asn Pro Ala Thr Thr Pro Leu Tyr	
65 70 75 80	
agc cag tcc agc acc ggc tac tac tct gct ccc ctg gaa aca aac gga	288
Ser Gln Ser Ser Thr Gly Tyr Tyr Ser Ala Pro Leu Glu Thr Asn Gly	
85 90 95	
ccc ccc tca gaa ggc agt ctg cag tcc ctg ggc agt ggg ccg acg agc	336
Pro Pro Ser Glu Gly Ser Leu Gln Ser Leu Gly Ser Gly Pro Thr Ser	
100 105 110	
cct ctg gtg ttt gtg ccc tcc agc ccc aga ctc agt ccc ttt atg cat	384
Pro Leu Val Phe Val Pro Ser Ser Pro Arg Leu Ser Pro Phe Met His	
115 120 125	
cca ccc agc cac cac tat ctg gaa acc act tcc acg ccc gtt tac aga	432
Pro Pro Ser His His Tyr Leu Glu Thr Thr Ser Thr Pro Val Tyr Arg	
130 135 140	
tcc agc cac cag gga gcc tcc agg gag gac cag tgc ggc tcc cgg gag	480
Ser Ser His Gln Gly Ala Ser Arg Glu Asp Gln Cys Gly Ser Arg Glu	
145 150 155 160	
gac acg tgc agc ctg ggg gag tta ggc gcc gga gcc ggg gct ggg ggg	528
Asp Thr Cys Ser Leu Gly Glu Leu Gly Ala Gly Ala Gly Ala Gly Gly	
165 170 175	
ttt gag atg gcc aaa gac acg cgt ttc tgc gcc gtg tgc agc gac tac	576
Phe Glu Met Ala Lys Asp Thr Arg Phe Cys Ala Val Cys Ser Asp Tyr	
180 185 190	
gcc tct ggg tac cac tat ggg gtg tgg tct tgt gag gcc tgc aag gcc	624

Ala Ser Gly Tyr His Tyr Gly Val Trp Ser Cys Glu Gly Cys Lys Ala	
195 200 205	
ttc ttc aag agg agc atc cag ggt cac aat gac tat atg tgc cca gcg	672
Phe Phe Lys Arg Ser Ile Gln Gly His Asn Asp Tyr Met Cys Pro Ala	
210 215 220	
acc aat cag tgc act att gac aga aat cga agg aag ggc tgt cag gct	720
Thr Asn Gln Cys Thr Ile Asp Arg Asn Arg Arg Lys Gly Cys Gln Ala	
225 230 235 240	
tgt cgt ctt agg aag tgt tac gaa gtg gga atg atg aaa ggc ggt gtg	768
Cys Arg Leu Arg Lys Cys Tyr Glu Val Gly Met Met Lys Gly Gly Val	
245 250 255	
cgc aag gac cgc att cgc att tta cgg cgt gac aaa cgg cgg aca ggc	816
Arg Lys Asp Arg Ile Arg Ile Leu Arg Arg Asp Lys Arg Arg Thr Gly	
260 265 270	
gtt ggt gat gga gac aag gtt gta aag ggt cag gag cat aaa acg gtg	864
Val Gly Asp Gly Asp Lys Val Val Lys Gly Gln Glu His Lys Thr Val	
275 280 285	
cat tat gat gga agg aaa cgc agc agc aca gga gga gga gga gga gga	912
His Tyr Asp Gly Arg Lys Arg Ser Ser Thr Gly Gly Gly Gly Gly Gly	
290 295 300	
gga gga gga aga ctg tct gtg acc agc ata cct cct gag cag gtg ctg	960
Gly Gly Gly Arg Leu Ser Val Thr Ser Ile Pro Pro Glu Gln Val Leu	
305 310 315 320	
ctc ctc ctt cag ggc gcc gag ccc ccg ata ctc tgc tgc cgt cag aag	1008
Leu Leu Leu Gln Gly Ala Glu Pro Pro Ile Leu Cys Ser Arg Gln Lys	
325 330 335	
ttg agc cga ccg tac acc gag gtc acc atg atg acc ctg ctc acc agc	1056
Leu Ser Arg Pro Tyr Thr Glu Val Thr Met Met Thr Leu Leu Thr Ser	
340 345 350	
atg gca gac aag gag ctg gtc cac atg atc gcc tgg gcc aag aag ctc	1104
Met Ala Asp Lys Glu Leu Val His Met Ile Ala Trp Ala Lys Lys Leu	
355 360 365	
cca ggt ttt ctg cag ctg tcc ctg cac gat cag gtg ctg ctg ctg gag	1152
Pro Gly Phe Leu Gln Leu Ser Leu His Asp Gln Val Leu Leu Leu Glu	
370 375 380	
agc tgc tgg ctg gag gtg ctc atg atc ggc ctc att tgg agg tcc atc	1200
Ser Ser Trp Leu Glu Val Leu Met Ile Gly Leu Ile Trp Arg Ser Ile	
385 390 395 400	
cac tgt ccc ggg aag ctc atc ttt gca caa gac ctc atc ctg gac agg	1248
His Cys Pro Gly Lys Leu Ile Phe Ala Gln Asp Leu Ile Leu Asp Arg	
405 410 415	
aat gag gga gac tgc gtg gaa ggc atg acg gag atc ttc gac atg ctg	1296
Asn Glu Gly Asp Cys Val Glu Gly Met Thr Glu Ile Phe Asp Met Leu	
420 425 430	
ctg gcc act get tcc cgc ttc cgt gtg ctc aaa ctc aaa cct gag gaa	1344
Leu Ala Thr Ala Ser Arg Phe Arg Val Leu Lys Leu Lys Pro Glu Glu	
435 440 445	
ttc gtc tgc ctc aaa get att att tta ctc aac tcc ggt get ttt tct	1392
Phe Val Cys Leu Lys Ala Ile Ile Leu Leu Asn Ser Gly Ala Phe Ser	
450 455 460	

```

Ulc tgc acc ggc acc atg gag cca ctt cac aac agc gcg gcg gtt cag 1440
Phe Cys Thr Gly Thr Met Glu Pro Leu His Asn Ser Ala Ala Val Gln
465          470          475          480
agc atg ctg gac acc atc aca gac gca ctc att cat tac atc agt cag 1488
Ser Met Leu Asp Thr Ile Thr Asp Ala Leu Ile His Tyr Ile Ser Gln
          485          490          495
lcc ggt tac ttg gcc cag gag cag gcg aga cgg cag gcc cag ccg ctc 1536
Ser Gly Tyr Leu Ala Gln Glu Gln Ala Arg Arg Gln Ala Gln Pro Leu
          500          505          510
ctg ctg ctc tcc cac atc agg cac atg agc aac aaa ggc atg gag cac 1584
Leu Leu Leu Ser His Ile Arg His Met Ser Asn Lys Gly Met Glu His
          515          520          525
ctc tac agc atg aag tgc aag aac aaa gtc cct ctt tat gac ctc cta 1632
Leu Tyr Ser Met Lys Cys Lys Asn Lys Val Pro Leu Tyr Asp Leu Leu
          530          535          540
ctg gag atg ctc gat gcc cac cgc ctg cac cac ccc gtc aga gcc ccc 1680
Leu Glu Met Leu Asp Ala His Arg Leu His His Pro Val Arg Ala Pro
          545          550          555          560
cag tcc ttg tcc caa gtc gac aga gac cct ccc tcc acc agc agc ggc 1728
Gln Ser Leu Ser Gln Val Asp Arg Asp Pro Pro Ser Thr Ser Ser Gly
          565          570          575
ggg ggt gga atc gct ccc ggt tct ata tca gca tct cga ggc aga atc 1776
Gly Gly Gly Ile Ala Pro Gly Ser Ile Ser Ala Ser Arg Gly Arg Ile
          580          585          590
gag agt ccg agc aga ggc ccc ttt gct ccc agt gtc ctt cag tat gga 1824
Glu Ser Pro Ser Arg Gly Pro Phe Ala Pro Ser Val Leu Gln Tyr Gly
          595          600          605
ggg tgg cgt cct gac tgc acc ccg gcc ctt caa gac tga 1863
Gly Ser Arg Pro Asp Cys Thr Pro Ala Leu Gln Asp
          610          615          620

```

【図面の簡単な説明】

【図1】本発明のエストロジェンレセプター遺伝子を発現させるための発現ベクターの構築過程を示す図である。

【図2】本発明のエストロジェンレセプター遺伝子を発現させるための発現ベクターRSV-ERの構造を示す図である。pRC/RSVは構築に用いたベクターである。ERは本発明のエストロジェン遺伝子を、RSV LTRはRSVプロモーターを、pSV40はSV40プロモーターを、Neomycinはネオマイシン耐性遺伝子をそれぞれ示す。

【図3】エストロジェン応答配列とレポーター遺伝子とを含むレポータープラスミドERE-tK-pGL（図中ではERE-pGLと表示）の構築過程を示す図である。

【図4】エストロジェン応答配列とレポーター遺伝子とを含むレポータープラスミドERE-tK-pGLの構造を示す図である。4XEREはエストロジェン応答配列が4個連結された配列を意味し、tK promoterはtKプロモーターを、Amp^rアンピシリン耐性遺伝子を示す。

【図5】レポーターアッセイ用の細胞を調製するためのトランスフェクションの条件を検討した結果を示す図で

ある。上段の図は、トランスフェクション試薬にリポフェクチンを使用した場合、下段の図はリポフェクトアミンを使用した場合の結果を示す。

【図6】レポーターアッセイ用の細胞を調製するためのトランスフェクションにおいて、添加するトランスフェクション試薬の量を検討した結果を示す図である。上段の図は、リポフェクチンを使用した場合、下段の図はリポフェクトアミンを使用した場合の結果を示す。

【図7】レポーターアッセイ用の細胞を調製するためのトランスフェクションにおいて、添加するプラスミドの量を検討した結果を示す図である。上段の図は、リポフェクチンを使用した場合、下段の図はリポフェクトアミンを使用した場合の結果を示す。

【図8】レポーターアッセイにおけるβ-エストラジオールのエストロジェンレセプター活性化能を測定した結果を示す図である。1ウェルあたり0.25μgのレセプター発現ベクターRSV-ER、0.15μgのレポータープラスミドERE5-tK-pGL、および、0.1μgのコントロールレポータープラスミドpRL-tKを導入した細胞を試験に用いた。上段の図は、トランスフェクション試薬にリポフェクチン

ンを使用した場合、下段の図はリポフェクトアミンを使用した場合の結果を示す。

【図9】レポーターアッセイにおける β -エストラジオールのエストロゲンレセプター活性化能を測定した結果を示す図である。1ウェルあたり0.25 μ gのレセプター発現ベクターRSV-ER、0.15 μ gのレポータープラスミドERE5-tk-pGL、および、0.1 μ gのコントロールレポータープラスミドpRL-tkをリポフェクタミンを用いて導入した細胞を試験に用いた。

【図10】レポーターアッセイにおけるビスフェノールAのエストロゲンレセプター活性化能を測定した結果を示す図である。1ウェルあたり0.25 μ gのレセプター発現ベクターRSV-ER、0.15 μ gのレポータープラスミドERE5-tk-pGL、および、0.1 μ gのコントロールレポータープラスミドpRL-tkをリポフェクタミンを用いて導入した細胞を試験に用いた。E2は、終濃度500pMの β -エストラジオールが添加された系を示す。

【図11】レポーターアッセイにおけるp-ノニルフェノールのエストロゲンレセプター活性化能を測定した結果を示す図である。1ウェルあたり0.25 μ gのレセプター発現ベクターRSV-ER、0.15 μ gのレポータープラスミドERE5-tk-pGL、および、0.1 μ gのコントロールレポータープラスミドpRL-tkをリポフェクタミンを用いて導入した細胞を試験に用いた。E2は、終濃度500pMの β -エストラジオールが添加された系を示す。

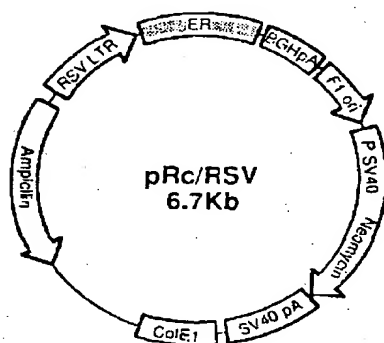
【図12】レポーターアッセイにおける酢酸トリブチルすずのエストロゲンレセプター活性化能を測定した結果を示す図である。1ウェルあたり0.25 μ gのレセプター発現ベクターRSV-ER、0.15 μ gのレポータープラスミドERE5-tk-pGL、および、0.1 μ gのコントロールレポ-

ータープラスミドpRL-tkをリポフェクタミンを用いて導入した細胞を試験に用いた。E2は、終濃度500pMの β -エストラジオールが添加された系を示す。

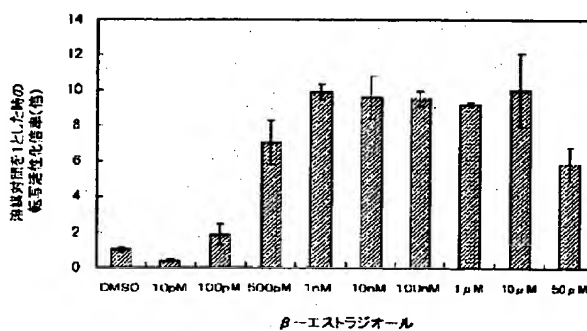
【図13】レポーターアッセイにおけるフタル酸ジ-2-エチルヘキシルのエストロゲンレセプター活性化能を測定した結果を示す図である。1ウェルあたり0.25 μ gのレセプター発現ベクターRSV-ER、0.15 μ gのレポータープラスミドERE5-tk-pGL、および、0.1 μ gのコントロールレポータープラスミドpRL-tkをリポフェクタミンを用いて導入した細胞を試験に用いた。E2は、終濃度500pMの β -エストラジオールが添加された系を示す。

【図14】レポーターアッセイにおける各種化合物のエストロゲンレセプター活性化能を測定した結果を示す図である。1ウェルあたり0.25 μ gのレセプター発現ベクターRSV-ER、0.15 μ gのレポータープラスミドERE5-tk-pGL、および、0.1 μ gのコントロールレポータープラスミドpRL-tkをリポフェクタミンを用いて導入した細胞を試験に用いた。E2は終濃度500pMの β -エストラジオールが添加された系を、Tisは終濃度50 μ Mの酢酸トリブチルすずが添加された系を、BisAは終濃度50 μ MのビスフェノールAが添加された系を、Di-2は終濃度50 μ Mのフタル酸ジ-2-エチルヘキシルが添加された系を、Nonylは終濃度50 μ Mのノニルフェノールが添加された系を示す。顕微鏡観察により判定された死亡細胞率は、酢酸トリブチルすずが添加された系において90%以上、ビスフェノールAが添加された系において0%、フタル酸ジ-2-エチルヘキシルが添加された系において90%以上、ノニルフェノールが添加された系において40%前後であった。

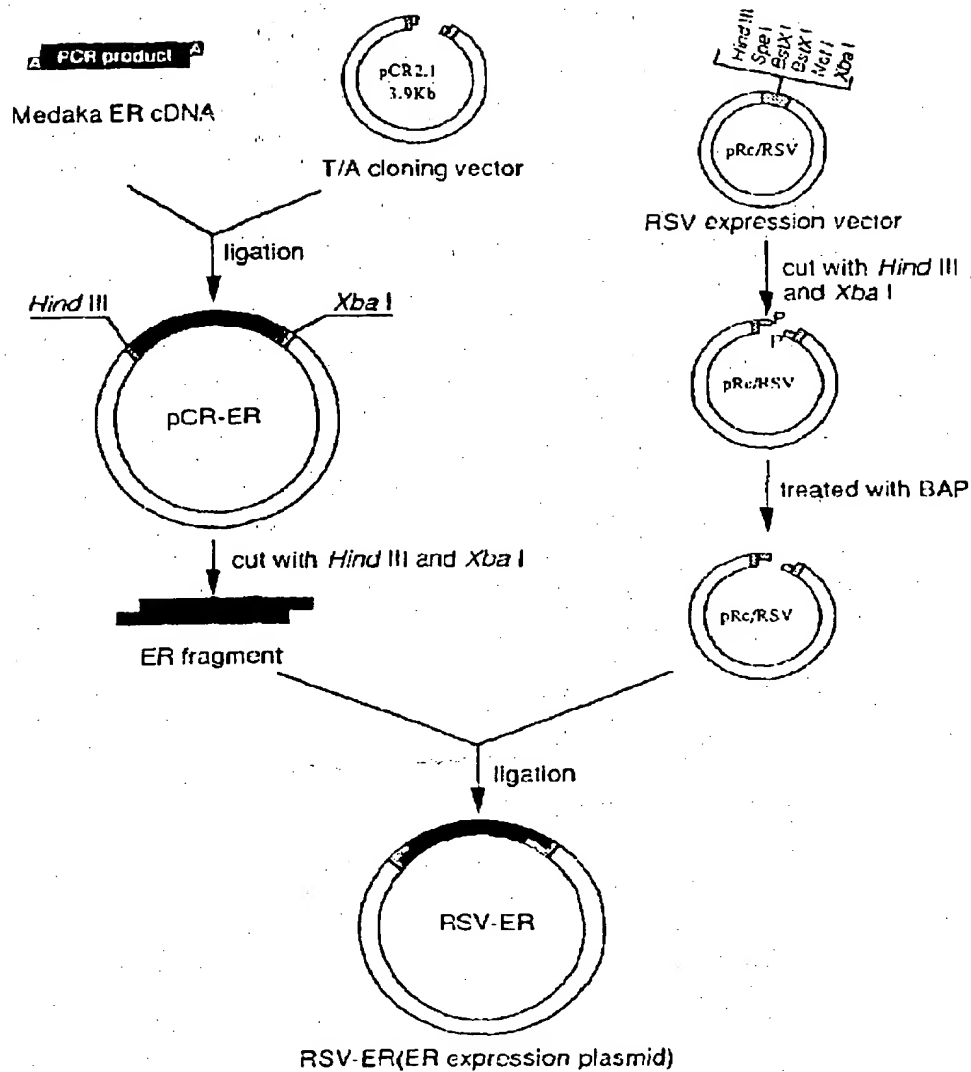
【図2】



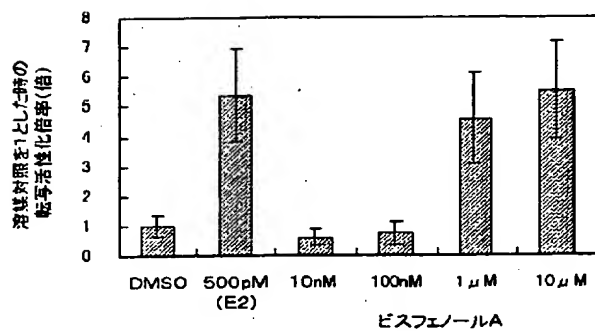
【図9】



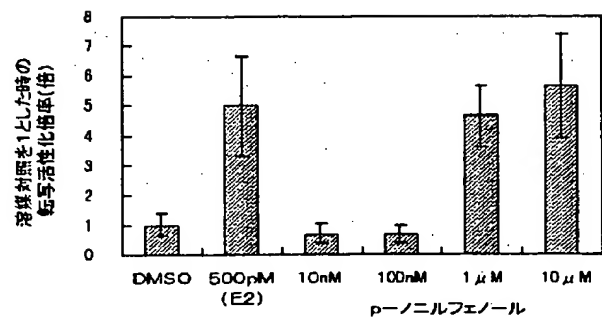
【図1】



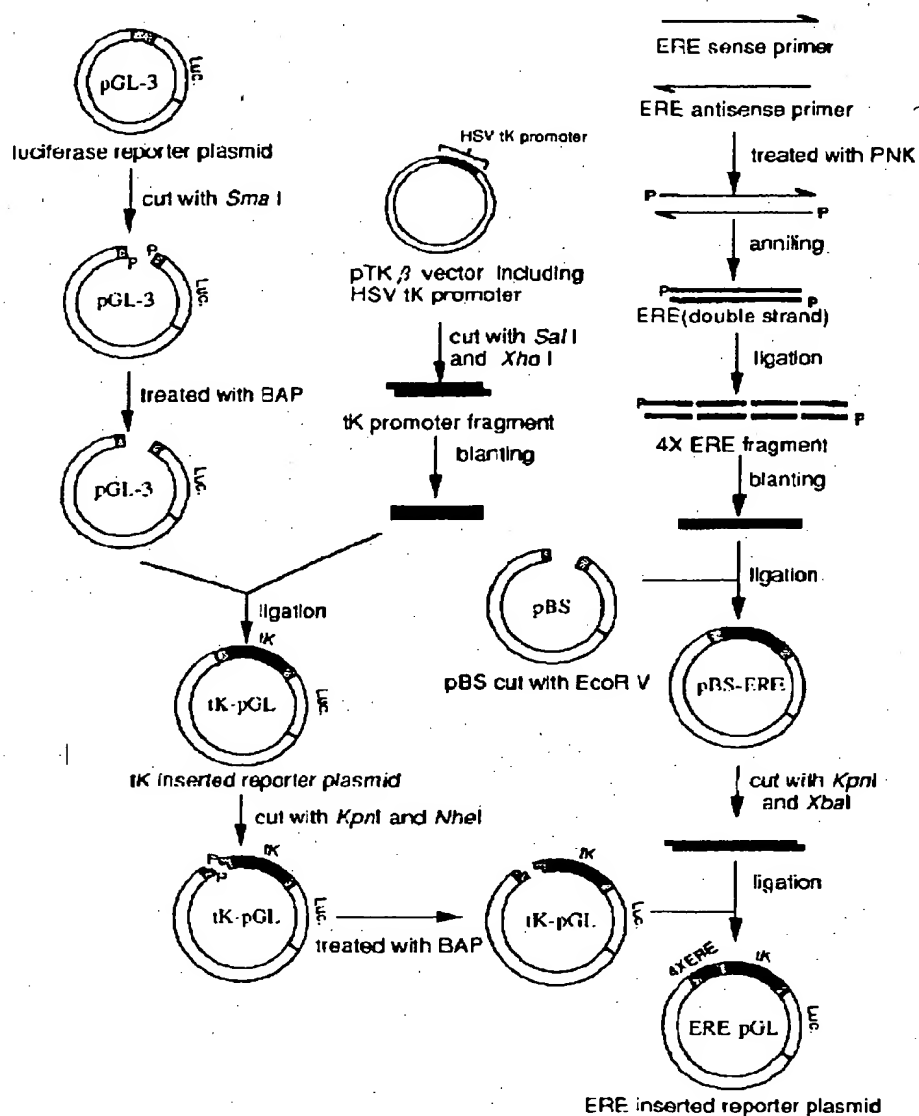
【図10】



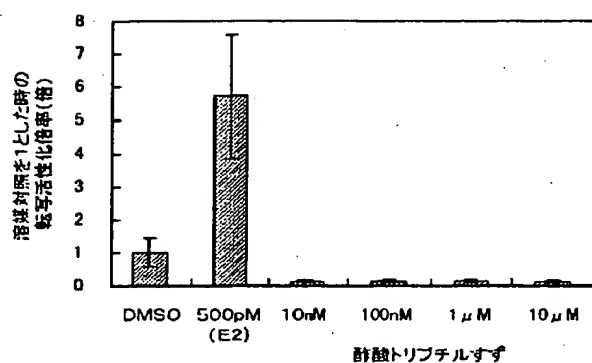
【図11】



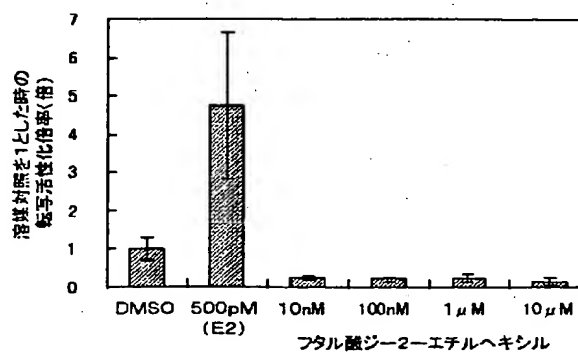
【図3】



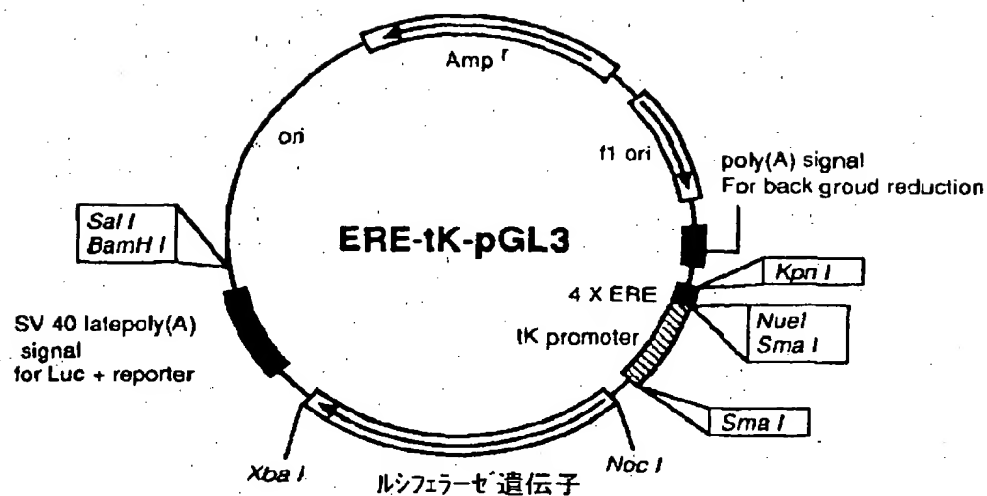
【図12】



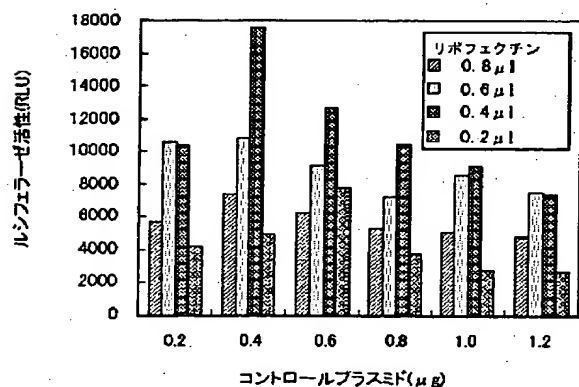
【図13】



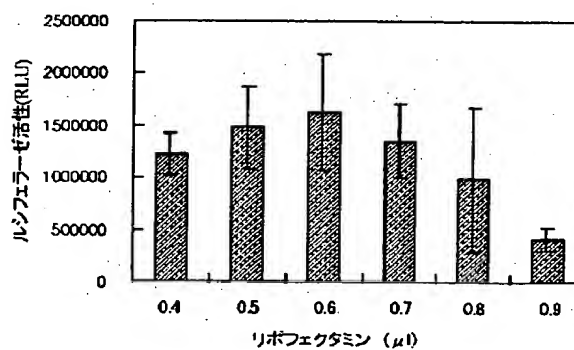
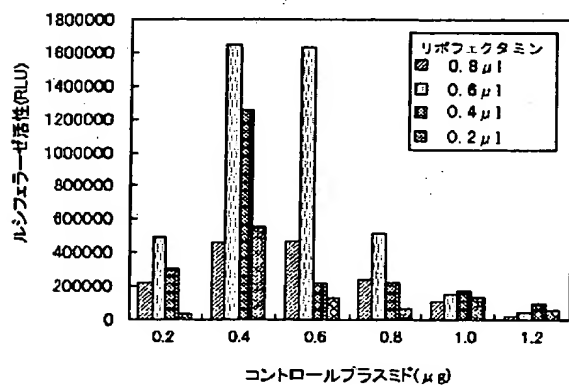
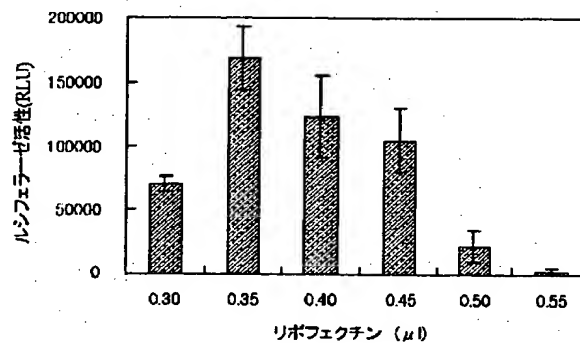
【図4】



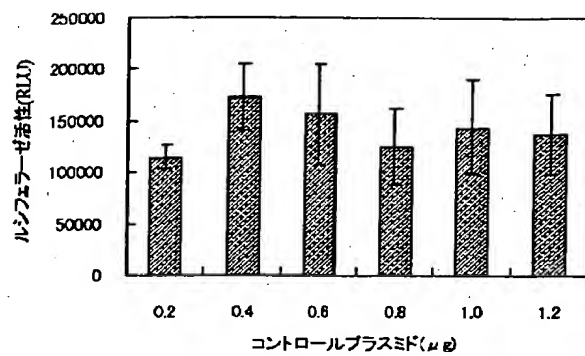
【図5】



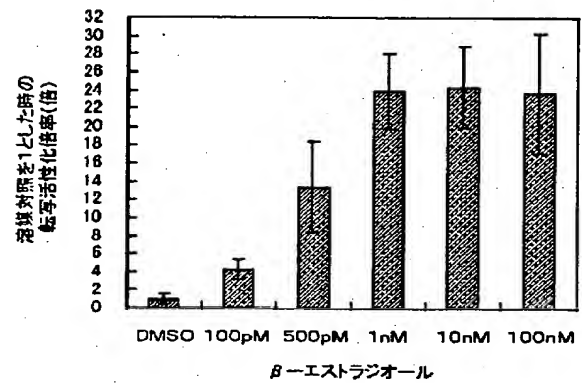
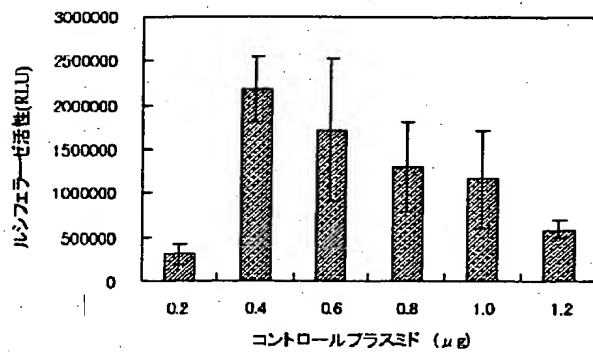
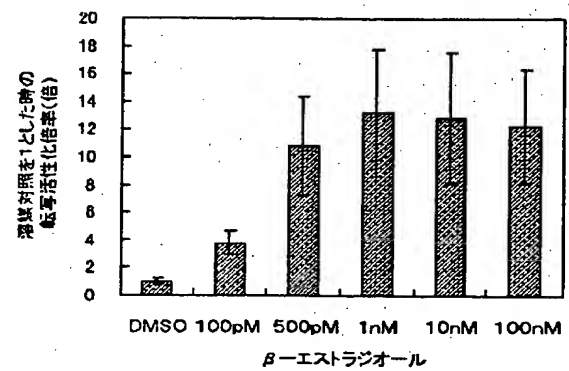
【図6】



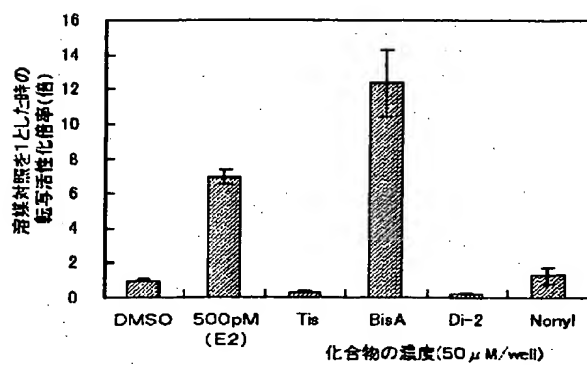
【図7】



【図8】



【図14】



フロントページの続き

(51) Int. Cl. 7

// (C 1 2 N 15/09

C 1 2 R 1:91)

(C 1 2 P 21/02

C 1 2 R 1:91)

識別記号

ZNA

FI

テマコード (参考)

F ターム(参考) 4B024 AA11 AA17 AA20 BA63 DA02
EA04 FA02 FA10 GA13 IIA03
HA11
4B063 QA01 QQ22 QQ61 QQ75 QQ91
QQ94 QR33 QR60 QR77 QR80
QS36 QX02
4B064 AG20 CA10 CA19 CC24 DA13
DA16
4B065 AA90Y AA93X AB01 AC14
BA05 CA46
4H045 AA10 AA20 AA30 BA10 CA52
DA50 EA50 FA72 FA74 IIA06

ID ,AAA92175 standard; DNA; 1863 BP.

P.D. 05-07-2001

P. 1-9-

9

10

XX AC AAA92175;

XP-002181483

XX

DT 05-JAN-2001 (first entry)---

XX

DE Oryzias lapites oestrogen receptor encoding DNA-SEQ-ID NO:4.

XX

KW Oryzias lapites; oestrogen receptor, ds.

XX

OS Oryzias lapites.

XX

PN JP2000201688-A.

XX

PD 25-JUL-2000.

XX

PF 06-APR-1999; 99JP-0098787.

XX

PR 10-NOV-1998; 98JP-0319465.

XX

PA (SUMO) SUMITOMO CHEM CO LTD.

XX

DR WPI; 2000-567950/53.

DR

P-PSDB; AAB20898.

XX

PT An estrogen receptor gene and its application.

XX

PS Claim 4; Page 15-17; 23pp; Japanese.

XX

CC The present sequence encodes an oestrogen receptor derived from
CC Oryzias lapites. Also described are: (1) a vector comprising the
CC oestrogen receptor gene; (2) a transformant prepared by introducing
CC the oestrogen receptor gene or vector from (1) into a host cell;
CC (3) a method for the preparation of an oestrogen receptor comprising
CC culturing the transformant from (2) to produce the oestrogen receptor;
CC and (4) a method for the evaluation of oestrogen receptor-activating
CC ability of a chemical substance in which the chemical substance is
CC reacted with a transformant prepared by introducing a reporter gene
CC connected downstream of a transcription controlling region containing
CC an oestrogen response sequence and the above oestrogen receptor gene to
CC an oestrogen-nonendogenous host cell. The transformant can be used for
CC the evaluation of oestrogen receptor-activating ability of a chemical
CC substance.

XX

SQ Sequence 1863 BP; 406 A; 565 C; 531 G; 361 T; 0 other;

atgagtaaga	gacagagctc	ggtgcagatc	aggcagctgt	tgggaccagc	actcagatcc	60
aggatcagcc	cagcctcctc	agagctggag	accctctccc	cacctcgcct	ctcgccccgt	120
gacccccctc	gtgacaigta	ccctgaagag	agccgggggt	ctggaggggt	ggctgctgtg	180
gacctttttg	aagggacgta	cgactatgcc	gcccccaacc	ctgccacgac	tcccccttac	240
agccagtcca	gcaccggcta	ctactctgct	cccctggaaa	caaacggacc	cccctcagaa	300
ggcagctctg	agtccctggg	cagtggggcg	acgagccctc	tgggtgttgt	gccctccagc	360
cccagactca	gtccctttat	gcattccacc	agccaccact	atctggaaac	cacttccacg	420
cccgtttaca	gatccagcca	ccagggagcc	tccagggagg	accagtgcgg	ctcccggggg	480
gacacgtgca	gcctggggga	gttaggcgcc	ggagccgggg	ctgggggggt	tgagatggcc	540
aaagacacgc	gtttctgcgc	cgtgtgcagc	gactacgcct	ctgggtacca	ctatgggggt	600
tggctctgtg	agggctgcaa	ggcctttctc	aagaggagca	tccagggtca	caatgactat	660
atgtgccag	cgaccaatca	gtgcactatt	gacagaaatc	gaaggaaggg	ctgtcaggct	720
tgtcgtctta	ggaagtgtta	cgaagtggga	atgatgaaag	gcggtgtgcg	caaggaccgc	780
attcgcattt	tacggcgtga	caaacggcgg	acaggcgttg	gtgatggaga	caaggttgta	840
aagggtcagg	agcataaaac	ggtgcattat	gatggaagga	aacgcagcag	cacaggagga	900
ggaggaggag	gaggaggagg	aagactgtct	gtgaccagca	tacctcctga	gcaggtgctg	960
ctcctccttc	agggcgccga	gcccccgata	ctctgctcgc	gtcagaagtt	gagccgaccg	1020
tacaccgagg	tcaccatgat	gaccctgctc	accagcatgg	cagacaagga	gctgggtccac	1080
atgatcgcct	gggccaagaa	gctcccagg	tttctgcagc	tgtccctgca	cgatcagggtg	1140

ctgctgctgg	agagctcgtg	gctggaggtg	ctcatgatcg	gcctcatttg	gaggtccatc	1200
cactgtcccg	ggaagctcat	ctttgcacaa	gacctcatcc	tggaacaggaa	tgagggagac	1260
tgcgtggaag	gcatgacgga	gatcttgcac	atgctgctgg	ccactgcttc	ccgcttcctg	1320
gtgctcaaac	tcaaacctga	ggaattcgtc	tgccctcaaag	ctattatittt	actcaactcc	1380
ggtgcttttt	ctttctgcac	cggcaccatg	gagccacttc	acaacagcgc	ggcggttcag	1440
agcatgctgg	acaccatcac	agacgcactc	attcattaca	tcagtcagtc	gggttacttg	1500
gccagggagc	aggcgagacg	gcaggcccag	ccgctcctgc	tgctctccca	catcaggcac	1560
atgagcaaca	aaggcatgga	gcacctctac	agcatgaagt	gcaagaacaa	agtccctctt	1620
tatgacctcc	tactggagat	gctcgatgcc	caccgcctgc	accaccccgt	cagagcccc	1680
cagtccctgt	cccaagtcga	cagagacctc	ccctccacca	gcagcggcgg	gggtggaatc	1740
gtccccggtt	ctatatcagc	atctcgaggc	agaatcgaga	gtcccgagcag	aggccccttc	1800
gctcccagtg	tccttcagta	tggaggggtc	cgctctgact	gcaccccggc	ccttcaagac	1860
tga						1863

//

>>GSN:AAA92175 Oryzias latipes oestrogen recept (1863 nt)
initn: 9261 initl: 9261 opt: 9261 Z-score: 8922.0 bits: 1664.7 E(): 0
99.678% identity (99.678% ungapped) in 1863 nt overlap (76-1938:1-1863)

```
      50      60      70      80      90     100
EP0111 CGTGTTGCGCAGCACATCTGAGGATGATTCATGAGTAAGAGACAGAGCTCGGTGCAGATC
      .....
GSN:AA      ATGAGTAAGAGACAGAGCTCGGTGCAGATC
                  10      20      30
```

```
     110     120     130     140     150     160
EP0111 AGGCAGCTGTTTCGGACCAGCACTCAGATCCAGGATCAGCCAGCCTCCTCAGAGCTGGAG
      .....
GSN:AA AGGCAGCTGTTTCGGACCAGCACTCAGATCCAGGATCAGCCAGCCTCCTCAGAGCTGGAG
          40      50      60      70      80      90
```

```
     170     180     190     200     210     220
EP0111 ACCCTCTCCCCACCTCGCCTCTCGCCCCGTGACCCCTCGGTGACATGTACCCTGAAGAG
      .....
GSN:AA ACCCTCTCCCCACCTCGCCTCTCGCCCCGTGACCCCTCGGTGACATGTACCCTGAAGAG
          100     110     120     130     140     150
```

```
     230     240     250     260     270     280
EP0111 AGCCGGGGTTCTGGAGGGGTGGCTGCTGTGGACTTTTGGAAAGGGACGTACGACTATGCC
      .....
GSN:AA AGCCGGGGTTCTGGAGGGGTGGCTGCTGTGGACTTTTGGAAAGGGACGTACGACTATGCC
          160     170     180     190     200     210
```

```
     290     300     310     320     330     340
EP0111 GCCCCCAACCCTGCCACGACTCCCCTTTACAGCCAGTCCAGCAGCGGCTACTACTCTGCT
      .....
GSN:AA GCCCCCAACCCTGCCACGACTCCCCTTTACAGCCAGTCCAGCAGCGGCTACTACTCTGCT
          220     230     240     250     260     270
```

```
     350     360     370     380     390     400
EP0111 CCCCTGGAAACAAACGGACCCCCCTCAGAAGGCAGTCTGCAGTCCCTGGGCAGTGGGGCCG
      .....
GSN:AA CCCCTGGAAACAAACGGACCCCCCTCAGAAGGCAGTCTGCAGTCCCTGGGCAGTGGGGCCG
          280     290     300     310     320     330
```

```
     410     420     430     440     450     460
EP0111 ACGAGCCCTCTGGTGTTTGTGCCCTCCAGCCCCAGACTCAGTCCCTTTATGCATCCACCC
      .....
GSN:AA ACGAGCCCTCTGGTGTTTGTGCCCTCCAGCCCCAGACTCAGTCCCTTTATGCATCCACCC
          340     350     360     370     380     390
```

```
     470     480     490     500     510     520
EP0111 AGCCACCACTATCTGGAAACCACTTCCACGCCCGTTTACAGATCCAGCCACCAGGGAGCC
      .....
GSN:AA AGCCACCACTATCTGGAAACCACTTCCACGCCCGTTTACAGATCCAGCCACCAGGGAGCC
          400     410     420     430     440     450
```

```
     530     540     550     560     570     580
EP0111 TCCAGGGAGGACCAGTGCGGCTCCCGGGAGGACACGTGCAGCCTGGGGGAGTTAGGCGCC
      .....
GSN:AA TCCAGGGAGGACCAGTGCGGCTCCCGGGAGGACACGTGCAGCCTGGGGGAGTTAGGCGCC
          460     470     480     490     500     510
```

```
     590     600     610     620     630     640
EP0111 GGAGCCGGGGCTGGGGGGTTTGAGATGGCCAAAGACACGCGTTTCTGCGCCGTGTGCAGC
      .....
GSN:AA GGAGCCGGGGCTGGGGGGTTTGAGATGGCCAAAGACACGCGTTTCTGCGCCGTGTGCAGC
          520     530     540     550     560     570
```

```
     650     660     670     680     690     700
```

ANSNOON: <XP 2181483A | >

BNSDOCID: <XP 2181483A . 1 >

1970 1980 1990 2000 2010 2020
EP0111 GGCTCAAGGGTTTCAGGTTGGGACAAGGTGATGCTTGATTTAATTTTAAGAATTATTATA

ID AAB20898 standard; Protein; 620 AA.
XX
AC AAB20898;
XX
DT 05-JAN-2001 (first entry)
XX
DE Oryzias lapites oestrogen receptor protein SEQ ID NO:3.
XX
KW Oryzias lapites; oestrogen receptor.
XX
OS Oryzias lapites.
XX
PN JP2000201688-A.
XX
PD 25-JUL-2000.
XX
PF 06-APR-1999; 99JP-0098787.
XX
PR 10-NOV-1998; 98JP-0319465.
XX
PA (SUMO) SUMITOMO CHEM CO LTD.
XX
DR WPI; 2000-567950/53.
DR N-PSDB; AAA92175.
XX

PT An estrogen receptor gene and its application

PS Claim 2; Page 13-15; 23pp; Japanese.

XX
CC The present sequence represents an oestrogen receptor derived from
CC Oryzias lapites. Also described are: (1) a vector comprising the
CC oestrogen receptor gene; (2) a transformant prepared by introducing
CC the oestrogen receptor gene or vector from (1) into a host cell;
CC (3) a method for the preparation of an oestrogen receptor comprising
CC culturing the transformant from (2) to produce the oestrogen receptor;
CC and (4) a method for the evaluation of oestrogen receptor-activating
CC ability of a chemical substance in which the chemical substance is
CC reacted with a transformant prepared by introducing a reporter gene
CC connected downstream of a transcription controlling region containing
CC an oestrogen response sequence and the above oestrogen receptor gene to
CC an oestrogen-nonendogenous host cell. The transformant can be used for
CC the evaluation of oestrogen receptor-activating ability of a chemical
CC substance.

XX
SQ Sequence 620 AA;
SQ 39 A; 44 R; 10 N; 29 D; 0 B; 18 C; 27 Q; 31 E; 0 Z; 60 G; 19 H;
SQ 24 I; 67 L; 25 K; 20 M; 15 F; 43 P; 67 S; 30 T; 4 W; 20 Y; 28 V;
SQ 0 Others;

mskrqssvqi rqlfgpalrs rispassele tisprrlspr dplgdmypee srgsggvaav
dllegtydya apnpattply sqsstgyysa pletngppse qslqslgsgp tsplvfvpss
prlspfmhpp shhylettst pvyrrshqga sredqcsre dtcslgelga gagaggfema
kdtrfcavcs dyasgyhygv wccagckaff krsiqghndy mcpatnqcti dmrrrkgcga
crlrkcyevg mmkggvkrdr irilrrdkrr tgvvgdgdqv kgqehktvhy dgrkrsstgg
gggggggrls vtsippeqvl lllqgaoppi lcarqlarp ytevtmtll tsmadkelvh
miawakklpg flqlslhdqv lllesswlev lmigliwrsi hcpgklifaq dlildrnegd
cvegmtelfd mllatasrfr viklkpeefv cikarillns gefsfctgtm eplhnsaavq
smldtitdal ihyisqsgyl aqeqarrqag pllllshirh msnkgmehly smkcknkvp1
ydllllemla brlhhpvrar qslsqvdrdp pstssggggi apgsisasrg riespsrgpf
apsvlqyggs rpdctpalqd

//

1 Yell.
translation of Seq ID 1
VS
Seq ID 3 of SP1000201688

>>GSP:AAB20898 Oryzias latipes oestrogen recept (620 aa)
 initn: 4198 init1: 4198 opt: 4198 Z-score: 3093.7 bits: 584.7 E(): 2.3e-164
 Smith-Waterman score: 4198; 99.516% identity (99.516% ungapped) in 620 aa overlap
 (75-1934:1-620)

	90	120	150	180	210	240
EP0111	MSKRQSSVQIRQLFGPALRSRISPASSELETLSFPRLSPRDLGLDMYPEESRSGSGGVA	AV				
					
GSP:AA	MSKRQSSVQIRQLFGPALRSRISPASSELETLSFPRLSPRDLGLDMYPEESRSGSGGVA	AV				
	10	20	30	40	50	60
	270	300	330	360	390	420
EP0111	DFLEGTIDYAAPNPATTPLYSQSSTGYYSAPLETNGPPSEGLQSLGSGPTSPLVFPVSS					
					
GSP:AA	DLLEGTIDYAAPNPATTPLYSQSSTGYYSAPLETNGPPSEGLQSLGSGPTSPLVFPVSS					
	70	80	90	100	110	120
	450	480	510	540	570	600
EP0111	PRLSPFMHPPSHHYLETTSTFPVYRSSHQGASREDQCGSREDTCSLGLGAGAGAGGFEMA					
					
GSP:AA	PRLSPFMHPPSHHYLETTSTFPVYRSSHQGASREDQCGSREDTCSLGLGAGAGAGGFEMA					
	130	140	150	160	170	180
	630	660	690	720	750	780
EP0111	KDTRFCAVCSDYASGYHYGVWSCEGCKAFFKRSIQGHNDYMCPATNQCTIDRNRKSCQA					
					
GSP:AA	KDTRFCAVCSDYASGYHYGVWSCEGCKAFFKRSIQGHNDYMCPATNQCTIDRNRKSCQA					
	190	200	210	220	230	240
	810	840	870	900	930	960
EP0111	CRLRKCYEVGMKGGVVRKDRIRILRRDKRRTGVGDGDKVVKQEHKTVHYDGRKRSSTGG					
					
GSP:AA	CRLRKCYEVGMKGGVVRKDRIRILRRDKRRTGVGDGDKVVKQEHKTVHYDGRKRSSTGG					
	250	260	270	280	290	300
	990	1020	1050	1080	1110	1140
EP0111	GGGGGGGRLSVTSIPPEQVLLLLQGAEPPIILCSRQKLSRPYTEVTMMTLTSMADKELVH					
					
GSP:AA	GGGGGGGRLSVTSIPPEQVLLLLQGAEPPIILCSRQKLSRPYTEVTMMTLTSMADKELVH					
	310	320	330	340	350	360
	1170	1200	1230	1260	1290	1320
EP0111	MIAWAKKLPGLQLSLHDQVLLLESSWLEVLMIGLIWRSIHCPGKLIFAQDLILDRNEGD					
					
GSP:AA	MIAWAKKLPGLQLSLHDQVLLLESSWLEVLMIGLIWRSIHCPGKLIFAQDLILDRNEGD					
	370	380	390	400	410	420
	1350	1380	1410	1440	1470	1500
EP0111	CVEGMTEIFDMLLATASRFRVLKLPKEEFVCLKAIILLNSGAFSFCGTGMEPLHNSAAVQ					
					
GSP:AA	CVEGMTEIFDMLLATASRFRVLKLPKEEFVCLKAIILLNSGAFSFCGTGMEPLHNSAAVQ					
	430	440	450	460	470	480
	1530	1560	1590	1620	1650	1680
EP0111	SMLDTITDALIHYSISQSGYLAQEQARRQAQLLLLSHIRHMSNKGMEHLYSMKCKNKVPL					
					
GSP:AA	SMLDTITDALIHYSISQSGYLAQEQARRQAQPLLLLLSHIRHMSNKGMEHLYSMKCKNKVPL					
	490	500	510	520	530	540
	1710	1740	1770	1800	1830	1860
EP0111	YDLLLEMLDAHRLHHPVRAPQSLSQVDRDPSTSSGGGGIAPGSISASRGRIESPSRGGF					
					
GSP:AA	YDLLLEMLDAHRLHHPVRAPQSLSQVDRDPSTSSGGGGIAPGSISASRGRIESPSRGGF					
	550	560	570	580	590	600

```

      1890              1920
EP0111 APSVLQYGGSRPDCTPALQD
      ::::::::::::::::::::
GSP:AA APSVLQYGGSRPDCTPALQD
          610           620
```

ID AAA92174 standard; DNA; 1728 BP.
XX
AC AAA92174; XP-002181484

XX
DT 05-JAN-2001 (first entry)

XX
DE Oryzias lapites oestrogen receptor encoding DNA SEQ ID NO:2.

XX
KW Oryzias lapites; oestrogen receptor; ds.

XX
OS Oryzias lapites.

XX
PN JP2000201688-A.

XX
PD 25-JUL-2000.

XX
PF 06-APR-1999; 99JP-0098787.

XX
PR 10-NOV-1998; 98JP-0319465.

XX
PA (SUMO) SUMITOMO CHEM CO LTD.

XX
DR WPI; 2000-567950/53.

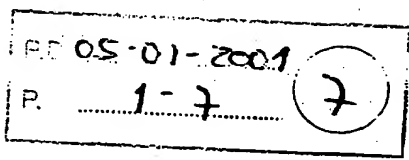
XX
DR P-PSDB; AAB20897.

XX
PT An estrogen receptor gene and its application

XX
PS Claim 3; Page 11-13; 23pp; Japanese.

XX
CC The present sequence encodes an oestrogen receptor derived from
CC Oryzias lapites. Also described are: (1) a vector comprising the
CC oestrogen receptor gene; (2) a transformant prepared by introducing
CC the oestrogen receptor gene or vector from (1) into a host cell;
CC (3) a method for the preparation of an oestrogen receptor comprising
CC culturing the transformant from (2) to produce the oestrogen receptor;
CC and (4) a method for the evaluation of oestrogen receptor-activating
CC ability of a chemical substance in which the chemical substance is
CC reacted with a transformant prepared by introducing a reporter gene
CC connected downstream of a transcription controlling region containing
CC an oestrogen response sequence and the above oestrogen receptor gene to
CC an oestrogen-nonendogenous host cell. The transformant can be used for
CC the evaluation of oestrogen receptor-activating ability of a chemical
CC substance.

XX
SQ Sequence 1728 BP; 378 A; 514 C; 497 G; 339 T; 0 other;
atgtaccctg aagagagccg gggttctgga ggggtggctg ctgtggacct tttggaaggg 60
acgtacgact atgccgcccc caaccctgcc acgactcccc ttacagcca gtccagcacc 120
ggctactact ctgctcccct ggaaacaaac ggacccccct cagaaggcag tctgcagtcc 180
ctgggcagtg ggccgacgag ccctctggtg tttgtgccct ccagccccag actcagtcct 240
tttatgcatc caccagcca ccactatctg gaaaccactt ccacgcccggt ttacagatcc 300
agccaccagg gagcctccag ggaggaccag tgcggctccc gggaggacac gtgcagcctg 360
ggggagttag gcgccggagc cggggctggg gggtttgaga tggccaaaga cagcggtttc 420
tgcgccgtgt gcagcgacta cgctctggg taccactatg ggggtgtggtc ttgtgagggc 480
tgcaaggcct tcttcaagag gagcatccag ggtcacaatg actatatgtg cccagcgacc 540
aatcagtga ctattgacag aaatcgaagg aagggtgtgc aggtttgtcg tcttaggaag 600
tgttacgaag tgggaatgat gaaaggcggt gtgcgcaagg accgcattcg cattttacgg 660
cgtgacaaac ggccgacagg cgttggtgat ggagacaagg ttgtaaaggg tcaggagcat 720
aaaacggtgc attatgatg aaggaaacgc agcagcacag gaggaggagg aggaggagga 780
ggagggaagac tgtctgtgac cagcatacct cctgagcagg tgctgctcct ccttcagggc 840
gccgagcccc cgatactctg ctgcgctcag aagttgagcc gaccgtacac cgaggtcacc 900
atgatgacc tgctcaccag catggcagac aaggagctgg tccacatgat cgcctgggac 960
aagaagctcc caggttttct gcagctgtcc ctgcacgatc aggtgctgct gctggagagc 1020
tcgtggctgg aggtgctcat gatcgccctc atttgagggt ccatccactg tcccgggaag 1080
ctcatctttg cacaagacct catcctggac aggaatgagg gagactgcgt ggaaggcatg 1140



acggagatct	togacatgct	gctggccact	gcttcccgt	tccgtgtgt	caaactcaaa	1200
cctgaggaat	togtctgcct	caaagctatt	atcttactca	actccggtgc	tttttctttc	1260
tgcaccggca	ccatggagcc	acttcacaac	agcgcggcgg	ttcagagcat	gctggacacc	1320
atcacagacg	cactcattca	ttacatcagt	cagtcgggtt	acttgccca	ggagcaggcg	1380
agacggcagg	cccagccgt	cctgctgctc	tcccacatca	ggcacatgag	caacaaaggc	1440
atggagcacc	tctacagcat	gaagtgcagg	aacaaagtcc	ctctttatga	cctcctactg	1500
gagatgctcg	atgcccaccg	cctgcaccac	cccgtcagag	ccccccagtc	cttgtcccaa	1560
gtcgacagag	accctccctc	caccagcagc	ggcgggggtg	gaatcgctcc	cggttctata	1620
tcagcatctc	gaggcagaat	cgagagtcgg	agcagaggcc	cctttgctcc	cagtgtcctt	1680
cagtatggag	ggtcgcgtcc	tgactgcacc	ccggcccttc	aagactga		1728

//

>>GSN:AAA92174 Oryzias latipes oestrogen recept (1728 nt)
initn: 8586 initl: 8586 opt: 8586 Z-score: 8271.0 bits: 1544.2 E(): 0
99.653% identity (99.653% ungapped) in 1728 nt overlap (211-1938:1-1728)

```

      190      200      210      220      230      240
EP0111 CGCCTCTCGCCCCGTGACCCCTCGGTGACATGTACCCCTGAAGAGAGCCGGGGTTCTGGA
      :
GSN:AA      ATGTACCCCTGAAGAGAGCCGGGGTTCTGGA
                  10      20      30

```

```

      250      260      270      280      290      300
EP0111 GGGGTGGCTGCTGTGGACTTTTTGGAAGGGACGTACGACTATGCCGCCCCCAACCCTGCC
      :
GSN:AA GGGGTGGCTGCTGTGGACTTTTTGGAAGGGACGTACGACTATGCCGCCCCCAACCCTGCC
      40      50      60      70      80      90

```

```

      310      320      330      340      350      360
EP0111 ACGACTCCCCTTTACAGCCAGTCCAGCACCCGGCTACTACTCTGCTCCCCTGGAAACAAAC
      :
GSN:AA ACGACTCCCCTTTACAGCCAGTCCAGCACCCGGCTACTACTCTGCTCCCCTGGAAACAAAC
      100     110     120     130     140     150

```

```

      370      380      390      400      410      420
EP0111 GGACCCCCCTCAGAAGGCAGTCTGCAGTCCCTGGGCAGTGGGCCGACGAGCCCTCTGGTG
      :
GSN:AA GGACCCCCCTCAGAAGGCAGTCTGCAGTCCCTGGGCAGTGGGCCGACGAGCCCTCTGGTG
      160     170     180     190     200     210

```

```

      430      440      450      460      470      480
EP0111 TTTGTGCCCTCCAGCCCCAGACTCAGTCCCTTTATGCATCCACCCAGCCACCCTATCTG
      :
GSN:AA TTTGTGCCCTCCAGCCCCAGACTCAGTCCCTTTATGCATCCACCCAGCCACCCTATCTG
      220     230     240     250     260     270

```

```

      490      500      510      520      530      540
EP0111 GAAACCACTTCCACGCCCGTTTACAGATCCAGCCACCAGGGAGCCTCCAGGGAGGACCAG
      :
GSN:AA GAAACCACTTCCACGCCCGTTTACAGATCCAGCCACCAGGGAGCCTCCAGGGAGGACCAG
      280     290     300     310     320     330

```

```

      550      560      570      580      590      600
EP0111 TGCGGCTCCCGGGAGGACACGTGCAGCCTGGGGGAGTTAGGCGCCGGAGCCGGGGCTGGG
      :
GSN:AA TGCGGCTCCCGGGAGGACACGTGCAGCCTGGGGGAGTTAGGCGCCGGAGCCGGGGCTGGG
      340     350     360     370     380     390

```

```

      610      620      630      640      650      660
EP0111 GGGTTTGAGATGGCCAAAGACACGCGTTTCTGCGCCGTGTGCAGCGACTACGCCTCTGGG
      :
GSN:AA GGGTTTGAGATGGCCAAAGACACGCGTTTCTGCGCCGTGTGCAGCGACTACGCCTCTGGG
      400     410     420     430     440     450

```

```

      670      680      690      700      710      720
EP0111 TACCACTATGGGGTGTGGTCTTGTGAGGGCTGCAAGGCCTTCTTCAAGAGGAGCATCCAG
      :
GSN:AA TACCACTATGGGGTGTGGTCTTGTGAGGGCTGCAAGGCCTTCTTCAAGAGGAGCATCCAG
      460     470     480     490     500     510

```

```

      730      740      750      760      770      780
EP0111 GGTCACAATGACTATATGTGCCAGCGACCAATCAGTGCACTATTGACAGAAATCGGAGG
      :
GSN:AA GGTCACAATGACTATATGTGCCAGCGACCAATCAGTGCACTATTGACAGAAATCGAAGG
      520     530     540     550     560     570

```


BNSDOCID: <XP_2181484A_1>

	1450	1460	1470	1480	1490	1500
EP0111	ATTTTACTCAACTCCGGTGCTTTTCTTTCTGCAACGGCAACATGCGAGCCACTTCACAAC					
GSN:AA	ATTTTACTCAACTCCGGTGCTTTTCTTTCTGCAACGGCAACATGCGAGCCACTTCACAAC					
	1240	1250	1260	1270	1280	1290
	1510	1520	1530	1540	1550	1560
EP0111	AGCGCGGCGGTTTCAGAGCATGCTGGACAGCATCACAGAGCGCACTCATTTCATTACATCAGT					
GSN:AA	AGCGCGGCGGTTTCAGAGCATGCTGGACAGCATCACAGAGCGCACTCATTTCATTACATCAGT					
	1300	1310	1320	1330	1340	1350
	1570	1580	1590	1600	1610	1620
EP0111	CAGTCGGGTTACTTTGGCCCAAGGAGCAGGCGAGACGGCAGGCCAGCTGCTCCTGCTGCTC					
GSN:AA	CAGTCGGGTTACTTTGGCCCAAGGAGCAGGCGAGACGGCAGGCCAGCTGCTCCTGCTGCTC					
	1360	1370	1380	1390	1400	1410
	1630	1640	1650	1660	1670	1680
EP0111	TCCCACATCAGGCACATGAGCAACAAAGGCATGCGAGCACTCTACAGCATGAAGTCCAAAG					
GSN:AA	TCCCACATCAGGCACATGAGCAACAAAGGCATGCGAGCACTCTACAGCATGAAGTCCAAAG					
	1420	1430	1440	1450	1460	1470
	1690	1700	1710	1720	1730	1740
EP0111	AACAAAGTCCCTCTTTATGACCTCCTACTCGAGATGCTCGATGGGCAACGCCTGCCACCAC					
GSN:AA	AACAAAGTCCCTCTTTATGACCTCCTACTCGAGATGCTCGATGGGCAACGCCTGCCACCAC					
	1480	1490	1500	1510	1520	1530
	1750	1760	1770	1780	1790	1800
EP0111	CCCGTCAGAGCACCCCAAGTCCTTCTCCCAAGTCGACAGAGAGCCTCCCTCCACCAGCAGC					
GSN:AA	CCCGTCAGAGCCCCCAAGTCCTTGTCCCAAGTCGACAGAGAGCCTCCCTCCACCAGCAGC					
	1540	1550	1560	1570	1580	1590
	1810	1820	1830	1840	1850	1860
EP0111	GGCGGGGGTGAATCGCTCCCGGTTCTATATCAGCATCTCGAGGCAGAATCGAGAGTCCG					
GSN:AA	GGCGGGGGTGAATCGCTCCCGGTTCTATATCAGCATCTCGAGGCAGAATCGAGAGTCCG					
	1600	1610	1620	1630	1640	1650
	1870	1880	1890	1900	1910	1920
EP0111	AGCAGAGGCCCTTTTGCTCCCAAGTGTCTTCAGTATGGAGGGTCGCGTCTGACTGCACC					
GSN:AA	AGCAGAGGCCCTTTTGCTCCCAAGTGTCTTCAGTATGGAGGGTCGCGTCTGACTGCACC					
	1660	1670	1680	1690	1700	1710
	1930	1940	1950	1960	1970	1980
EP0111	CCGGCCCTTCAAGACTGAGCACACAGTCCAAGGCCCTTTTTTGTGGCTCAAGGGTTTCAG					
GSN:AA	CCGGCCCTTCAAGACTGA					
	1720					

1Y

ID AAB20897 standard; Protein; 575 AA.
 XX
 AC AAB20897;
 XX
 DT 05-JAN-2001 (first entry)
 XX
 DE Oryzias lapites oestrogen receptor protein SEQ ID NO:1.
 XX
 KW Oryzias lapites; oestrogen receptor.
 XX
 OS Oryzias lapites.
 XX
 PN JP2000201688-A.
 XX
 PD 25-JUL-2000.
 XX
 PF 06-APR-1999; 99JP-0098787.
 XX
 PR 10-NOV-1998; 98JP-0319465.
 XX
 PA (SUMO) SUMITOMO CHEM CO LTD.
 XX
 DR WPI; 2000-567950/53.
 DR N-PSDB; AAA92174.
 XX
 PT An estrogen receptor gene and its application
 XX
 PS Claim 1; Page 9-10; 23pp; Japanese.
 XX
 CC The present sequence represents an oestrogen receptor derived from
 CC Oryzias lapites. Also described are: (1) a vector comprising the
 CC oestrogen receptor gene; (2) a transformant prepared by introducing
 CC the oestrogen receptor gene or vector from (1) into a host cell;
 CC (3) a method for the preparation of an oestrogen receptor comprising
 CC culturing the transformant from (2) to produce the oestrogen receptor;
 CC and (4) a method for the evaluation of oestrogen receptor-activating
 CC ability of a chemical substance in which the chemical substance is
 CC reacted with a transformant prepared by introducing a reporter gene
 CC connected downstream of a transcription controlling region containing
 CC an oestrogen response sequence and the above oestrogen receptor gene to
 CC an oestrogen-nonendogenous host cell. The transformant can be used for
 CC the evaluation of oestrogen receptor-activating ability of a chemical
 CC substance.
 XX
 SQ Sequence. 575 AA;
 SQ 37 A; 38 R; 10 N; 27 D; 0 B; 18 C; 24 Q; 29 E; 0 Z; 58 G; 19 H;
 SQ 22 I; 61 L; 24 K; 19 M; 14 F; 37 P; 58 S; 29 T; 4 W; 20 Y; 27 V;
 SQ 0 Others;
 mypeesrgsg gvaavdlleg tydyaapnpa ttplyqsst gyysapletn gppsegsllqs
 lgsqptslv fvpssprlsp fmhppsghyl ettstpvys shqgasredq cgsredtcs1
 gelgagagag gfemakdtrf cavcsdyasg yhygvwsceg ckaffkrsiq ghndymcpat
 nqctidmrr kgcqacrlrk cyevgmmkqg vrkdririr rdkrrtgvd qdkvvkqgeh
 ktvhydgrkr sstggggggg ggrlsvtsip pegvllllqg aeppilcsrq klrsrpytevt
 mmtlltsmad kelvhmiawa kklpgflqls lhdqvlles swlevlmigl iwrshcpqgk
 lifaqdlild rnegdcveg m teifdmllat asfrvklk peefvcl kai illnsgafsf
 ctgtmephln saavqsmldt itdalihiyis qsgylaqeqa rrqaqpllll shirhmsnkg
 mehlysmkck nkvpdydll emldahrlhh pvrappqslsq vdrdpstss ggggiapgsi
 sasrgriesp srgpfapsvl qygsrpdct palqd

//

>>GSP:AAB20897 Oryzias lapites oestrogen recept (575 aa)
 initn: 3905 initl: 3905 opt: 3905 Z-score: 2879.0 bits: 544.9 E(): 2.1e-152
 Smith-Waterman score: 3905; 99.478% identity (99.478% ungapped) in 575 aa overlap
 (210-1934:1-575)

```

      210      240      270      300      330      360
EP0111 MYPEESRGSGGVAADVDFLEGTYDYAAPNPATTPLYSQSSTGYYSAPLETNGPPSEGLQS
      :
GSP:AA MYPEESRGSGGVAADVLLLEGTYDYAAPNPATTPLYSQSSTGYYSAPLETNGPPSEGLQS
      10      20      30      40      50      60

      390      420      450      480      510      540
EP0111 LSGGPTSPLVFPVSSPRLSPFMHPPSHHYLETTSTPVYRSSHQGASREDQCGSREDTCSL
      :
GSP:AA LSGGPTSPLVFPVSSPRLSPFMHPPSHHYLETTSTPVYRSSHQGASREDQCGSREDTCSL
      70      80      90      100      110      120

      570      600      630      660      690      720
EP0111 GELGAGAGAGGFEMAKDTRFCVCSYASGYHYGVWSCEGCKAFFKRSIQGHNDYMCPAT
      :
GSP:AA GELGAGAGAGGFEMAKDTRFCVCSYASGYHYGVWSCEGCKAFFKRSIQGHNDYMCPAT
      130      140      150      160      170      180

      750      780      810      840      870      900
EP0111 NQCTIDRNRKSCQACRLRKCYEVGMKGGVVRKDRIRILRRDKRRTGVGDGDKVVKQEH
      :
GSP:AA NQCTIDRNRKGCQACRLRKCYEVGMKGGVVRKDRIRILRRDKRRTGVGDGDKVVKQEH
      190      200      210      220      230      240

      930      960      990      1020      1050      1080
EP0111 KTVHYDGRKRSSTGGGGGGGGGRLSVTSIPPEQVLLLLQGAEPPIILCSRQKLSRPYTEVT
      :
GSP:AA KTVHYDGRKRSSTGGGGGGGGGRLSVTSIPPEQVLLLLQGAEPPIILCSRQKLSRPYTEVT
      250      260      270      280      290      300

      1110      1140      1170      1200      1230      1260
EP0111 MMTLLTSMADKELVHMIWAKKLPGLQLSLHDQVLLLESSWLEVLMIGLIWRSIHCPGK
      :
GSP:AA MMTLLTSMADKELVHMIWAKKLPGLQLSLHDQVLLLESSWLEVLMIGLIWRSIHCPGK
      310      320      330      340      350      360

      1290      1320      1350      1380      1410      1440
EP0111 LIFAQDLILDRNEGDCVEGMTEIFDMLLATASRFRVLKPKPEEFVCLKAIILLNSGAFSF
      :
GSP:AA LIFAQDLILDRNEGDCVEGMTEIFDMLLATASRFRVLKPKPEEFVCLKAIILLNSGAFSF
      370      380      390      400      410      420

      1470      1500      1530      1560      1590      1620
EP0111 CTGTMEPLHNSAAVQSMMLDTITDALIHYISQSGYLAQEQAARRQAQLLLLLSHIRHMSNKG
      :
GSP:AA CTGTMEPLHNSAAVQSMMLDTITDALIHYISQSGYLAQEQAARRQAQLLLLLSHIRHMSNKG
      430      440      450      460      470      480

      1650      1680      1710      1740      1770      1800
EP0111 MEHLYSMKCKNKVPLYDLLLEMLDAHRLHHPVRAPQSLSQVDRDPPSTSSGGGGIAPGSI
      :
GSP:AA MEHLYSMKCKNKVPLYDLLLEMLDAHRLHHPVRAPQSLSQVDRDPPSTSSGGGGIAPGSI
      490      500      510      520      530      540

      1830      1860      1890      1920
EP0111 SASRGRIESPSRGPFAPSVLQYGGSRPDCTPALQD
      :
GSP:AA SASRGRIESPSRGPFAPSVLQYGGSRPDCTPALQD
      550      560      570

```